

11  
 66  
 31  
 126  
 51  
 186  
 71  
 246  
 91  
 306  
 111  
 366  
 131  
 426  
 151  
 486  
 171  
 546

GTCGACCCACGGTCCGCCACGGTCCGGCCC ATG GCG CCG CCC GCC CGC CTC GCC CTC GCG CTC CTC  
 M A P P A A R L A L L  
 S A A L T L A A R P A P S P G L G P G  
 TCC GCC GCG GCG CTC ACG CTG GCG GCG CCC GCG CCT AGC CCC GCG CTC GCG CCC GGA  
 P E C F T A N G A D Y R G T Q N W T A L  
 CCC GAG TGT TTC ACA GCC AAT GGT GCG GAT TAT AGG GGA ACA CAG AAC TGG ACA GCA CTA  
 Q G G K P C L F W N E T F Q H P Y N T L  
 CAA GCG GGG AAG CCA TGT CTG TTT TGG AAC GAG ACT TTC CAG CAT CCA TAC AAC ACT CTG  
 K Y P N G E G L G E H N Y C R N P D G  
 AAA TAC CCC AAC GGG GAG GGG GCG CTG GGT GAG CAC AAC TAT TGC AGA AAT CCA GAT GGA  
 D V S P W C Y V A E H E D G V Y W K Y C  
 GAC GTG AGC CCC TGG TGC TAT GTG GCA GAG CAC GAG GAT GGT GTC TAC TGG AAG TAC TGT  
 E I P A C Q M P G N L G C Y K D H G N P  
 GAG ATA CCT GCT TGC CAG ATG CCT GGA AAC CTT GCG TGC TAC AAG GAT CAT GGA AAC CCA  
 P P L T G T S K T S N K L T I Q T C I S  
 CCT CCT CTA ACT GGC ACC AGT AAA ACG TCC AAC AAA CTC ACC ATA CAA ACT TGC ATC AGT  
 F C R S Q R F K F A G M E S G Y A C F C  
 TTT TGT CGG AGT CAG AGG TTC AAG TTT GCT GGG ATG GAG TCA GCG TAT GCT TGC TTC TGT

1/95

Fig. 1A

G N N P D Y W K Y G E A A S T E C N S V 191  
 GGA AAC AAT CCT GAT TAC TGG AAG TAC GGG GAG GCA GCC AGT ACC GAA TGC AAC AGC GTC 606  
  
 C F G D H T Q P C G G D G R I I L F D T 211  
 TGC TTC GGG GAT CAC ACC CAA CCC TGT GGT GGC GAT GGC AGG ATC ATC CTC TTT GAT ACT 666  
  
 L V G A C G G N Y S A M S S V Y S P D 231  
 CTC GTG GGC GCC TGC GGT GGC AAC TAC TCA GCC ATG TCT TCT GTG GTC TAT TCC CCT GAC 726  
  
 F P D T Y A T G R V C Y W T I R V P G A 251  
 TTC CCC GAC ACC TAT GCC ACG GGC AGG GTC TGC TAC TGG ACC ATC CGG GTT CCG GGG GCC 786  
  
 S H I H F S F P L F D I R D S A D M V E 271  
 TCC CAC ATC CAC TTC AGC TTC CCC CTA TTT GAC ATC AGG GAC TCG GCG GAC ATG GTG GAG 846  
  
 L L D G Y T H R V L A R F H G R S R P P 291  
 CTT CTG GAT GGC TAC ACC CAC CGT GTC CTA GCC CGC TTC CAC GGG AGG AGC CGC CCA CCT 906  
  
 L S F N V S L D F V I L Y F F S D R I N 311  
 CTG TCC TTC AAC GTC TCT CTG GAC TTC GTC ATC TTG TAT TTC TTC TCT TCT GAT CGC ATC AAT 966  
  
 Q A Q G F A V L Y Q A V K E E L P Q E R 331  
 CAG GCC CAG GGA TTT GCT GTT TTA TAC CAA GCC GTC AAG GAA GAA CTG CCA CAG GAG AGG 1026

2/95

Fig. 1B

P A V N Q T V A E V I T E Q A N L S V S	351
CCC GCT GTC AAC CAG ACG GTG GCC GAG GTG ATC ACG GAG CAG GCC AAC CTC AGT GTC AGC	1086
A A R S S K V L Y V I T T S P S H P P Q	371
GCT GCC CGG TCC TCC AAA GTC CTC TAT GTC ATC ACC ACC AGC CCC AGC CAC CCA CCT CAG	1146
T V P G S N S W A P P M G A G S H R V E	391
ACT GTC CCA GGT AGC AAT TCC TGG GCG CCA CCC ATG GGG GCT GGA AGC CAC AGA GTT GAA	1206
G W T V Y G L A T L L I L T V T A I V A	411
GGA TGG ACA GTC TAT GGT CTG GCA ACT CTC CTC ATC ACA GTC ACA GCC ATT GTA GCA	1266
K I L L H V T F K S H R V P A S G D L R	431
AAG ATA CTT CTG CAC GTC ACA TTC AAA TCC CAT CGT GTT CCT GCT TCA GGG GAC CTT AGG	1326
D C H Q P G T S G E I W S I F Y K P S T	451
GAT TGT CAT CAA CCA GGG ACT TCG GGG GAA ATC TGG AGC ATT TTT TAC AAG CCT TCC ACT	1386
S I S I F K K K L K G Q S Q Q D D R N P	471
TCA ATT TCC ATC TTT AAG AAG AAA CTC AAG GGT CAG AGT CAA CAA GAT GAC CGC AAT CCC	1446
L V S D *	
CTT GTG AGT GAC TAA	

3 / 95

Fig. 1C

RECEIVED

NOV 13 2000

476  
146 CENTER 1600/2900

AAACCCACTGTGCCTAGGACTTGAGGTCCCTCTTTGAGCTCAAGGCTGCCGTGGTCAACCTCTCCTGTGTTCTCTC 1540  
TGACAGACTCTTCCCTCTCCTCTCCCTCTGCTCGGCTCTTTCCGGGAAACCTCTCCTACAGACTAGGAAGAGGCACCT 1620  
GCTGCCAGGGCAGGCAGAGCCTGGATTCTCCTCCTGCTT 1657

Fig. 1D

GTCGACCCACGGTCCGCCGGCTCCCGGTGCTGCCCCCTCTGCCCCGGCGCCGGGTCCCGCACTGACGGCC 79

M A P A P A A R L A L L S A A A L T L A 19  
C ATG GCG CCG CCC GCC GCC CGT CTC GCG CTG CTC TCC GCC GCT GCG CTC ACT CTG GCG 137

4 / 95

A R P A P G P R S G P E C F T A N G A D 39  
GCC CGG CCC GCG CCC GGT CCC CGC TCC GGC CCC GAG TGC TTC ACA GCC AAC GGT GCA GAT 197

Y R G T Q S W T A L Q G G K P C L F W N 59  
TAC AGG GGA ACA CAG AGC TGG ACA GCG CTG CAA GGT GGG AAG CCA TGT CTG TTC TGG AAC 257

E T F Q H P Y N T L K Y P N G E G L G 79  
GAG ACT TTC CAG CAT CCG TAC AAC ACG CTG AAG TAC CCC AAC GGG GAA GGA GGA CTG GGC 317

E H N Y C R N P D G D V S P W C Y V A E 99  
GAG CAC AAT TAT TGC AGA AAT CCA GAT GGA GAC GTG AGC CCT TGG TGC TAC GTG GCC GAG 377

Fig. 1E

RECEIVED

NOV 13 2001

TECH CENTER 1600/2900

RECEIVED

NOV 13 2001

11/13/01 10:29:00

5/95

H E D G V Y W K Y C E I P A C Q M P G N 119  
CAT GAG GAC GGA GTC TAC TGG AAG TAC TGT GAA ATT CCT GCC TGC CAG ATG CCT GGA AAC 437

L G C Y K D H G N P P P L T G T S K T S 139  
CTT GGC TGC TAC AAG GAT CAT GGA AAC CCA CCT CCT CTC ACG GGC ACC AGT AAA ACC TCT 497

N K L T I Q T C I S F C R S Q R F K F A 159  
AAC AAG CTC ACC ATA CAA ACC TGT ATC AGC TTC TGT CGG AGT CAG AGA TTC AAG TTT GCT 557

G M E S G Y A C F C G N P D Y W K H G 179  
GGG ATG GAG TCA GGC TAT GCC TGC TTC TGT GGG AAC AAT CCT GAC TAC TGG AAG CAC GGG 617

E A A S T E C N S V C F G D H T Q P C G 199  
GAG GCG GCC AGC ACC GAG TGC AAT AGT GTC TGC TTC GGG GAC CAC ACG CAG CCC TGC GGT 677

G D G R I I L F D T L V G A C G G N Y S 219  
GGG GAC GGC AGG ATT ATC CTC TTT GAC ACT CTC GTG GGC GCC TGC GGT GGG AAC TAC TCA 737

A M A A V V Y S P D F P D T Y A T G R V 239  
GCC ATG GCA GCC GTG GTG TAC TCC CCT GAC TTC CCT GAC ACC TAC GCC ACT GGC AGA GTC 797

C Y W T I R V P G A S R I H F N F T L F 259  
TGC TAC TGG ACC ATC CGG GTT CCA GGA GCC TCT CGC ATC CAT TTC AAC TTC ACC CTG TTT 857

D I R D S A D M V E L L D G Y T H R V L 279  
GAT ATC AGG GAC TCT GCA GAC ATG GTG GAG CTG CTG GAC GGC TAC ACC CAC CGC GTC CTG 917

Fig. 1F

V R L S G R R S R P P L S F N V S L D F V 299  
 GTC CGG CTC AGT GGG AGG AGC CGC CCT CTG TCT TTC AAT GTC TCT CTG GAT TTT GTC 977  
  
 I L Y F F S D R I N Q A Q G F A V L Y Q 319  
 ATT TTG TAT TTC TTC TCT GAT CGC ATC AAT CAG GCC CAG GGA TTT GCT GTG TTG TAC CAA 1037  
  
 A T K E E P P Q E R P A V N Q T L A E V 339  
 GCC ACC AAG GAG GAA CCG CCA CAG GAG AGA CCT GCT GCT AAC CAG ACC CTG GCA GAG GTG 1097  
  
 I T E Q A N L S V S A A H S S K V L Y V 359  
 ATC ACC GAG CAA GCC AAC CTC AGT GTC AGC GCT GCC CAC TCC TCC AAA GTC CTC TAT GTC 1157  
  
 I T P S P S H P P Q T A Q V A I P G H R 379  
 ATC ACC CCC AGC CCC AGC CAC CCT CCG CAG ACT GCC CAG GTA GCC ATT CCT GGG CAC CGT 1217  
  
 Q L G P T A T E W K D G L C T A W R P S 399  
 CAG TTG GGG CCA ACA GCC ACA GAG TGG AAG GAT GGA CTG TGT ACG GCC TGG CGA CCC TCC 1277  
  
 S S S Q S Q Q L S Q R F F C M S H L N L 419  
 TCA TCC TCA CAG TCA CAG CAG TTG TCG CAA AGA TTC TTC TGC ATG TCA CAT TTA AAT CTC 1337  
  
 I E S L H Q E T L G T V V S L G L L E I 439  
 ATC GAG TCC CTG CAT CAG GAG ACC TTA GGG ACT GTC GTC AGC CTG GGG CTT CTG GAG ATA 1397  
  
 S G P F S M N L P L Q S P S L R S S R 459  
 TCT GGA CCA TTT TCT ATG AAC CTT CCA CTA CAA TCT CCA TCT TTA AGA AGA AGC TCA AGG 1457

6/95

Fig.1G

V	R	N	K	M	T	A	I	P	S	*	
GTC	AGA	GTC	AAC	AAG	ATG	ACC	GCA	ATC	CCC	TCG	TGA
											471
											1493
GTG	ACT	GAA	AGCC	ACG	CTG	CAT	GAG	AGCT	CCG	CTC	CAAGCTCGAGTTTGCTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGATGAGTTC
											1572
CCT	GCC	TTCC	CAAT	CAC	CAAT	CTCT	TTT	TGG	AGC	ACCC	CTGCTTTAGAGGCAGCCCCAGCCTGGGATCCTCCATCACAT
											1651
GTAC	CAG	CCCT	GGCT	CTG	CTGG	GAT	GGTA	GAC	AGG	CCCC	AGGCTGACAGGACACAGCTGGACCTGACTCCAGAAGA
											1730
CTCT	TGG	TGGT	GGG	AGG	TAT	AGT	GTAG	GAT	GAGTTT	CTCT	TCTTCTGTTTGTCCACATACAGATCGGTTC
											1809
CCCT	GTCT	TTAC	AGTT	TGCA	ATAG	AGCC	AGACT	GTA	AGAA	CTGT	CAGGTTTCTAGGCTGGCCTGGTTCCCACTAAGA
											1888
GTGG	CAATT	GGC	CCCT	AGAG	CCCC	AGAG	CTT	GGAG	CTTT	CTCT	GTGCTGCCAACTACCATGTGTCTATCT
											1967
AGT	CCG	AGG	GGACT	GAG	AGC	AGG	CCAC	ACCAT	GTCT	ATCT	TTTCTAGAGGTTCTTTTAGTACCCACTGACCAATGG
											2046
GGCA	AGC	CTG	AGG	ATT	GGT	CCAT	GTG	CAAC	AGAC	ACAGT	GAACCTCCTGGATACCTAGACTTAACTAGCC
											2125
TAG	CCCT	CAAG	TAGT	TGCC	AATC	CTGT	GGAAT	CAG	AAAT	CAGCC	TGTTCTCTCCTCAGCCCCAAGCCTGTAGCCCTAG
											2204
AGCT	GGG	CTGT	AGC	CTAG	AGCT	GGG	CTGT	AGC	CTAG	AGCT	GGGCTGTAGCACAGAGCTGGGCTGTAGCCCTAGAGC
											2283
TGG	GGCT	GTAG	CAC	AGAG	CTGG	GGCT	GTAG	CC	TAG	AGCT	GGGCTGTAGCACAGAGCTGG
											2362
GGCT	GTAG	CCCT	AGAG	CTGG	GGCT	GTAG	CAC	AGAG	CTGG	GGCT	GTAACTCAGCGATCAAGAGCTTGCTTTGTATACATCG
											2441
GACC	CTAG	GTCT	TAT	CCAG	CACT	ATC	AGA	AGGT	GGG	AGAG	AAAAAGACTGCACCATAGCATGGGGCAGCATCTGTGG
											2520
TTCC	TAC	GTG	AGGT	GTCA	TATTT	AAA	AGC	AGAT	CAAAA	ACTACC	CGAGTTTGTCTCTTTGTCCCTTATCATGGGAGC
											2599
AGAG	TAG	GAGT	AAGG	CTCT	GGT	CTT	GTCT	CAAT	TGTC	CCCC	CAGACAGGAGGCAGGAAAGGTCAGGCTTGGGAACCTGGA
											2678
GATC	CTCC	AGG	AAAA	AGCT	GCA	AGATT	GAG	AGAC	CCAG	CTG	CAGTTGGGAGAGGAAGGCCATCCCCGACTGAGAAATC
											2757
CTGC	AGT	CTGG	AAGT	GGC	CTTT	GT	CAG	CAGCT	GTG	CCCC	TGAAGGTAGACCTTGGTCACTCTCCTGCCAGCCCTTGA
											2836
GCCT	CTG	CTCT	CCCT	GGT	TAC	CCCT	CGA	ACCAT	GTAA	CCCT	TCCCCGAGTCTCTCAGTCACTGCCATTGAGGCCCTC
											2915
TCCT	CTAG	CTG	CTCT	CCCC	AGACT	GTCT	TGG	GGCCAT	CTG	GGGAT	CAGGGAGAGGCAGCAGGAGTACTGACGAGGCAG
											2994
TGAC	CTG	AGCT	GAT	GAT	CAAC	CAG	AGGAC	ACAG	AGTCT	ACAGT	GGCTGGCTGCTCAGCTCCTATGGGAGGCC
											3073
TAC	AGG	GGT	ACT	AAG	CTAG	GGG	GTCA	TCTCAT	TTT	GATCT	CTGGGAAAGGCTACAGGCTCCTGGATGTGAAGACAGGCC
											3152
CACT	ACAT	AAGA	AGAC	CACT	GGAA	ATAG	ACT	GAC	AGG	ACAGG	TCTCCACTCTAGGCTGTCCATAGCGTTTGCAGGACTC
											3231

Fig. 1H

CCTGAGACCAAGTGTGAGTCACAGAGTGCCATGTGCGTAGTGCCATAAAGGATATGGGTTCTTAACCAGGGAAGGCTC 3310  
 ATAGCAGGCCAGGACATTTTTTTCAGCTCAGAGCACTGGCCCCAGGCTTCCTCTAAGCCACCACCTCACCTGTCTCTTCCT 3389  
 ATCTCGGACACAGGAAGCAAGCCCCAGTGTGTGGCAGCTGCGGCTCAGCATTTGGTGTCCTCCCAAGAAAGGCGGTGGATG 3468  
 TGCCCAAGCTCCTTTTGTGTGGCCTGCGACAGCCCAACACTGCAGGGCCACCTTCTCTCTTGGGGGTAGGGACAC 3547  
 ATAAGGAAAACCTAACCCACCTCCAACAACAGCAGAGGACAGTGGGAAGGAAGGGCTGTAAATCACCCAGGCCAGACCTC 3626  
 CAGAAATGACAGGCACAGTCTGTTAGAACCTGTAGGCAGCCAGTCAACAGAGGGCCTTTGTGCTGGTAACACCCGTGCCCTG 3705  
 GAGCATAGGGGTAAGCCGAGGAGAGAGCAGCCCTCAGAGACATCAGCTAAAAACATAGGTGCCCTATGTCCCTCCCT 3784  
 TCCTGTCACACTGCTTACAAAGCAGAGACAGAGTAGGAAGAGGCTTTCATCCTCTCCACATCAGCAAGGATAGGCT 3863  
 GCGGCTGCCATAAGTGAGCAAGGAGAACAGAGCTCTGGACTTCTCTAAATGTGGGCTCTGGCTTCAGACTCCTCAGCCA 3942  
 AAAGCTCTTGAAGATCAAAGCTCTGGCGGGTACAGCTGTCCCTGGCCCTGTGGGCCAGCCCATGGGATGTGCCCTGGGCCAG 4021  
 GTGCCACCCACGGCTCACTGTCAATCCAGGAGGACCCACCTGATGCTCCTCATCATCCGCTGGCCTGACACTATCA 4100  
 GAGCTCGCGCCGCTGTTGCCAGGGACAGACTGACTACACTTGACCTTCAAGAGCACTTAGAAGTGGATGGCCTCCAGA 4179  
 CTCGTGCAGCCTCTGCAGGGGCCACACAAGTCTCCCGAGCCCAAGTCCACAAGCCCTCCATGGTTCCCTGGCTCCTCCTCCT 4258  
 GTGGAGTGCTCCTGTTGATGTCTGAGGTCTGCTTTGGGTACCGCCCTGGGAACCTGCTAACCTCCGATGGTCCCTTTGT 4337  
 GTCCTGTTTACTGTCCTTCTACCTCCAGGTCACTTAGCTCTGGCTGCTGGAGTGGGGGTGGGATGCT 4416  
 GGCTGACCCCCACCTGGTCTGCCAACACAGAACCTGGGGGCTCACACGGGCTCCTGTCTTGCCAAAGCTGGAGCTGAGC 4495  
 AACTGGCCCCAGGCTGAGTGGGCAGAGCAAAACAAGTGGAAGGGATCTCTCTCCTTAGAGGGAGGTGGCCGAAGGTGT 4574  
 AGATCCAGCGAGGGAGCTGCCATCCCCGCCACCTTCATAGCAGCAAGACCTTCCCATTTCCAATCTCACCTCCAGCAG 4653  
 GGATATGACTTTGGACAACAAGGCTTTATTTGTAAATATGCTCTTAATATGCAACTTTGAGAAATAAGATAAGAAACATCA 4732  
 TGTATTTTAAATATAAATGAAGTGTGACACACTGTATACAATTTAATATATATTTTAGGATTTTGTATTATAAGAA 4811  
 AATGGAATGTGATGTTAACTTTTACAAAAGAGAGAAAATGTTATTTTACTGTTTGAAGAAAATAAATATTCTCA 4890  
 TTGTTGTAGAAAAAATAAAAAAAGGGCGCGC 4928

Fig. 11



Hum.	MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPSPGLPGPECFTANGADYRGTONWTALQGGKPCLFWNETFQHPYNT	10	20	30	40	50	60	70
	::							
Mur.	MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPGPR--SGPECFTANGADYRGTSWTALQGGKPCLFWNETFQHPYNT	10	20	30	40	50	60	
Hum.	LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGVSPPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT	80	90	100	110	120	130	140
	::							
Mur.	LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGVSPPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT	70	80	90	100	110	120	130
Hum.	SNKLTIQTCISFCRSQRFKFMESGYACFCGNNPDYWKYGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRIILFD	150	160	170	180	190	200	210
	::							
Mur.	SNKLTIQTCISFCRSQRFKFMESGYACFCGNNPDYWKHGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRIILFD	140	150	160	170	180	190	200
Hum.	TLVGACGGNYSAMSSVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASHIHFSFPLFDIRDSADMVELLDGYTHRV	220	230	240	250	260	270	280
	::							
Mur.	TLVGACGGNYSAMAAVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASRIHFNTLFDIRDSADMVELLDGYTHRV	210	220	230	240	250	260	270

Fig.1J

```

290      300      310      320      330      340      350
Hum.  LARFHGRSRPPLSFNVSLDFVILYFFSDRINQAQGFVLYQAVKEELPQERPAVNQTVAEVITEQANLSV
      :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.:
280      290      300      310      320      330      340
Mur.  LVRLSGRSRPPPLSFNVSLDFVILYFFSDRINQAQGFVLYQATKEEPPQERPAVNQTVAEVITEQANLSV

360      370      380      390      400      410      420
Hum.  SAARSSKVLYVITTSPPSHPPQTVPGNSNSWAPPMGAGSHRVEGWTVYGLATLLILTVTAIVAKILLHVTFK
      :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.:
350      360      370      380      390      400      410
Mur.  SAAHSSKVLYVITPSPPSHPPQTAQVAIPGHRQLGPTA---TEWKD-GLCTAWRPSSSSQSQQLSQRFFCM

430      440      450      460      470
Hum.  SHRVPASGDLRDCHQPGTSGEISWIFYPKPTSTISIFKKKLKQSQ-QDDRNPLVSD
      :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.: :.:
420      430      440      450      460      470
Mur.  SHLNLIESHQETLGTVVVSLGLLEISGPFMSNLPLOSPSLRRSSRVNVNKMTAIPS

```

Fig.1K

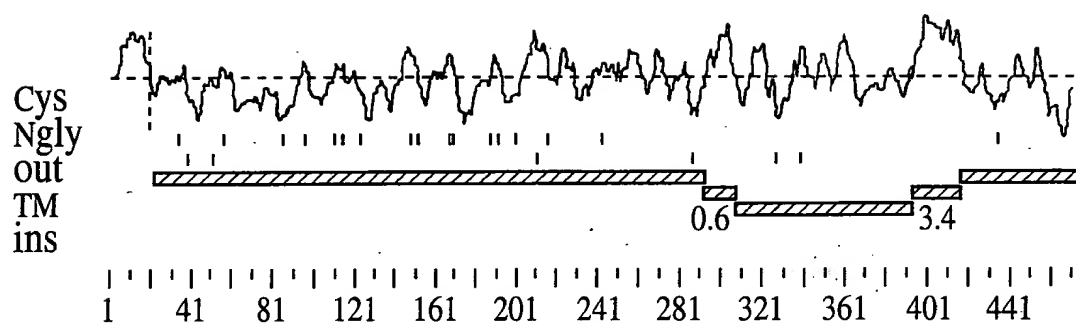


Fig. 1L

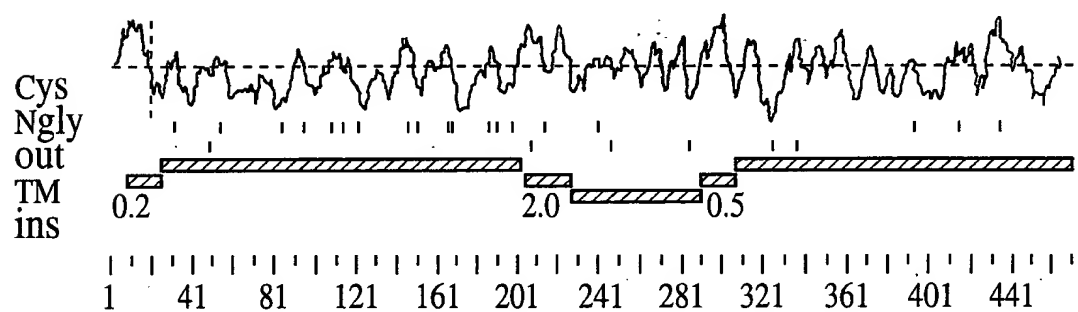


Fig. 1M

[illegible]

Fig. 2A

13/95

G	L	R	L	V	D	G	N	N	S	C	S	G	R	V	E	V	K	F	Q	173
GGT	TTG	AGG	CTA	GTG	GAT	GGA	AAC	AAC	TCC	TGT	TCA	GGG	AGA	GTG	GAG	GTG	AAA	TTC	CAA	546
E	R	W	G	T	I	C	D	D	G	W	N	L	N	T	A	A	V	V	C	193
GAA	AGG	TGG	GGG	ACT	ATA	TGT	GAT	GAT	GGG	TGG	AAC	TTG	AAT	ACT	GCT	GCC	GTG	GTG	TGC	606
R	Q	L	G	C	P	S	S	F	I	S	S	G	V	V	N	S	P	A	V	213
AGG	CAA	CTA	GGA	TGT	CCA	TCT	TCT	TTT	ATT	TCT	TCT	GGA	GTT	GTT	AAT	AGC	CCT	GCT	GTA	666
L	R	P	I	W	L	D	D	I	L	C	Q	G	N	E	L	A	L	W	N	233
TTG	CGC	CCC	ATT	TGG	CTG	GAT	GAC	ATT	TTA	TGC	CAG	GGG	AAT	GAG	TTG	GCA	CTC	TGG	AAT	726
C	R	H	R	G	W	G	N	H	D	C	S	H	N	E	D	V	T	L	T	253
TGC	AGA	CAT	CGT	GGA	TGG	GGA	AAT	CAT	GAC	TGC	AGT	CAC	AAT	GAG	GAT	GTC	ACA	TTA	ACT	786
C	Y	D	S	S	D	L	E	L	R	L	V	G	G	T	N	R	C	M	G	273
TGT	TAT	GAT	AGT	AGT	GAT	CTT	GAA	CTA	AGG	CTT	GTA	GGT	GGA	ACT	AAC	CGC	TGT	ATG	GGG	846
R	V	E	L	K	I	Q	G	R	W	G	T	V	C	H	H	K	W	N	N	293
AGA	GTA	GAG	CTG	AAA	ATC	CAA	GGA	AGG	TGG	GGG	ACC	GTA	TGC	CAC	CAT	AAG	TGG	AAC	AAT	906
A	A	A	D	V	V	C	K	Q	L	G	C	G	T	A	L	H	F	A	G	313
GCT	GCA	GCT	GAT	GTC	GTA	TGC	AAG	CAG	TTG	GGA	TGT	GGA	ACC	GCA	CTT	CAC	TTT	GCT	GGC	966
L	P	H	L	Q	S	G	S	D	V	V	W	L	D	G	V	S	C	S	G	333
TTG	CCT	CAT	TTG	CAG	TCA	GGG	TCT	GAT	GTT	GTA	TGG	CTT	GAT	GGT	GTC	TCC	TGC	TCC	GGT	1026

**Fig. 2B**

N	E	S	F	L	W	D	C	R	H	S	G	T	V	N	F	D	C	L	H	353
AAT	GAA	TCT	TTT	CTT	TGG	GAC	TGC	AGA	CAT	TCC	GGA	ACC	GTC	AAT	TTT	GAC	TGT	CTT	CAT	1086
Q	N	D	V	S	V	I	C	S	D	G	A	D	L	E	L	R	L	A	D	373
CAA	AAC	GAT	GTG	TCT	GTG	ATC	TGC	TCA	GAT	GGA	GCA	GAT	TTG	GAA	CTG	CGA	CTA	GCA	GAT	1146
G	S	N	N	C	S	G	R	V	E	V	R	I	H	E	Q	W	W	T	I	393
GGA	AGT	AAC	AAT	TGT	TCA	GGG	AGA	GTA	GAG	GTG	AGA	ATT	CAT	GAA	CAG	TGG	TGG	ACA	ATA	1206
C	D	Q	N	W	K	N	E	Q	A	L	V	V	C	K	Q	L	G	C	P	413
TGT	GAC	CAG	AAC	TGG	AAG	AAT	GAA	CAA	GCC	CTT	GTG	GTT	TGT	AAG	CAG	CTA	GGA	TGT	CCG	1266
F	S	V	F	G	S	R	R	A	K	P	S	N	E	A	R	D	I	W	I	433
TTC	AGC	GTC	TTT	GGC	AGT	CGT	CGT	GCT	AAA	CCT	AGT	AAT	GAA	GCT	AGA	GAC	ATT	TGG	ATA	1326
N	S	I	S	C	T	G	N	E	S	A	L	W	D	C	T	Y	D	G	K	453
AAC	AGC	ATA	TCT	TGC	ACT	GGG	AAT	GAG	TCA	GCT	CTC	TGG	GAC	TGC	ACA	TAT	GAT	GGA	AAA	1386
A	K	R	T	C	F	R	R	S	D	A	G	V	I	C	S	D	K	A	D	473
GCA	AAG	CGA	ACA	TGC	TTC	CGA	AGA	TCA	GAT	GCT	GGA	GTA	ATT	TGT	TCT	GAT	AAG	GCA	GAT	1446
L	D	L	R	L	V	G	A	H	S	P	C	Y	G	R	L	E	V	K	Y	493
CTG	GAC	CTA	AGG	CTT	GTC	GGG	GCT	CAT	AGC	CCC	TGT	TAT	GGG	AGA	TTG	GAG	GTG	AAA	TAC	1506
Q	G	E	W	G	T	V	C	H	D	R	W	S	T	R	N	A	A	V	V	513
CAA	GGA	GAG	TGG	GGG	ACT	GTG	TGT	CAT	GAC	AGA	TGG	AGC	ACA	AGG	AAT	GCA	GCT	GTT	GTG	1566

Fig. 2C

C K Q L G C G K P M H V F G M T Y F K E 533  
 TGT AAA CAA TTG GGA TGT GGA AAG CCT ATG CAT GTG TTT GGT ATG ACC TAT TTT AAA GAA 1626  
  
 A S G P I W L D D V S C I G N E S N I W 553  
 GCA TCA GGA CCT ATT TGG CTG GAT GAC GTT TCT TGC ATT GGA AAT GAG TCA AAT ATC TGG 1686  
  
 D C E H S G W G K H N C V H R E D V I V 573  
 GAC TGT GAA CAC AGT GGA TGG GGA AAG CAT AAT TGT GTA CAC AGA GAG GAT GTG ATT GTA 1746  
  
 T C S G D A T W G L R L V G G S N R C S 593  
 ACC TGC TCA GGT GAT GCA ACA TGG GGC CTG AGG CTG GTG GGC GGC AGC AAC CGC TGC TCG 1806  
  
 G R L E V Y F Q G R W G T V C D D G W N 613  
 GGA AGA CTG GAG GTG TAC TTT CAA GGA CGG TGG GGC ACA GTG TGT GAT GAC GGC TGG AAC 1866  
  
 S K A A V V C S Q L D C P S S I I G M 633  
 AGT AAA GCT GCA GCT GTG GTG TGT AGC CAG CTG GAC TGC CCA TCT TCT ATC ATT GGC ATG 1926  
  
 G L G N A S T G Y G K I W L D D V S C D 653  
 GGT CTG GGA AAC GCT TCT ACA GGA TAT GGA AAA ATT TGG CTC GAT GAT GTT TCC TGT GAT 1986  
  
 G D E S D L W S C R N S G W G N N D C S 673  
 GGA GAT GAG TCA GAT CTC TGG TCA TGC AGG AAC AGT GGG TGG GGA AAT AAT GAC TGC AGT 2046  
  
 H S E D V G V I C S D A S D M E L R L V 693  
 CAC AGT GAA GAT GTT GGA GTG ATC TGT TCT GAT GCA TCG GAT ATG GAG CTG AGG CTT GTG 2106

15/95

**Fig. 2D**

G G S S R C A G K V E V N V Q G A V G I 713  
 GGT GGA AGC AGC AGG TGT GCT GGA AAA GTT GAG GTG AAT GTC CAG GGT GCC GTG GGA ATT 2166  
  
 L C A N G G W G M N I A E V V C R Q L E C 733  
 CTG TGT GCT AAT GGC TGG GGA ATG AAC ATT GCT GAA GTT GTT TGC AGG CAA CTT GAA TGT 2226  
  
 G S A I R V S R E P H F T E R T L H I L 753  
 GGG TCT GCA ATC AGG GTC TCC AGA GAG CCT CAT TTC ACA GAA AGA ACA TTA CAC ATC TTA 2286  
  
 M S N S G C T G G E A S L W D C I R W E 773  
 ATG TCG AAT TCT GGC TGC ACT GGA GGG GAA GCC TCT CTC TGG GAT TGT ATA CGA TGG GAG 2346  
  
 W K Q T A C H L N M E A S L I C S A H R 793  
 TGG AAA CAG ACT GCG TGT CAT TTA AAT ATG GAA GCA AGT TTG ATC TGC TCA GCC CAC AGG 2406  
  
 Q P R L V G A D M P C S G R V E V K H A 813  
 CAG CCC AGG CTG GTT GGA GCT GAT ATG CCC TGC TCT TCT GGA CGT GTT GAA GTG AAA CAT GCA 2466  
  
 D T W R S V C D S D F S L H A A N V L C 833  
 GAC ACA TGG CGC TCT GTC TGT GAT TCT TCT TCT TCT TCT CAT GCT GCC AAT GTG CTG TGC 2526  
  
 R E L N C G D A I S L S V G D H F G K G 853  
 AGA GAA TTA AAT TGT GGA GAT GCC ATA TCT CTT TCT TCT TCT GGA GAT CAC TTT GGA AAA GGG 2586  
  
 N G L T W A E K F Q C E G S E T H L A L 873  
 AAT GGT CTA ACT TGG GCC GAA AAG TTC CAG TGT GAA GGG AGT GAA ACT CAC CTT GCA TTA 2646

16/95

Fig. 2E



C P I V Q H P E D T C I H S R E V G V 893  
 TGC CCC ATT GTT CAA CAT CCG GAA GAC ACT TGT ATC CAC AGC AGA GAA GTT GGA GTT GTC 2706  
  
 C S R Y T D V R L V N G K S Q C D G Q V 913  
 TGT TCC CGA TAT ACA GAT GTC CGA CTT GTG AAT GGC AAA TCC CAG TGT GAC GGG CAA GTG 2766  
  
 E I N V L G H W G S L C D T H W D P E D 933  
 GAG ATC AAC GTG CTT GGA CAC TGG GGC TCA CTG TGT GAC ACC CAC TGG GAC CCA GAA GAT 2826  
  
 A R V L C R Q L S C G T A L S T T G G K 953  
 GCC CGT GTT CTA TGC AGA CAG CTC AGC TGT GGG ACT GCT CTC TCA ACC ACA GGA GGA AAA 2886  
  
 Y I G E R S V R V W G H R F H C L G N E 973  
 TAT ATT GGA GAA AGA AGT GTT CGT GTG TGG GGA CAC AGG TTT CAT TGC TTA GGG AAT GAG 2946  
  
 S L L D N C Q M T V L G A P P C I H G N 993  
 TCA CTT CTG GAT AAC TGT CAA ATG ACA GTT CTT GGA GCA CCT CCC TGT ATC CAT GGA AAT 3006  
  
 T V S V I C T G S L T Q P L F P C L A N 1013  
 ACT GTC TCT GTG ATC TGC ACA GGA AGC CTG ACC CAG CCA CTG TTT CCA TGC CTC GCA AAT 3066  
  
 V S D P Y L S A V P E G S A L I C L E D 1033  
 GTA TCT GAC CCA TAT TTG TCT GCA GTT CCA GAG GGC AGT GCT TTG ATC TGC TTA GAG GAC 3126  
  
 K R L R L V D G D S R C A G R V E I Y H 1053  
 AAA CGG CTC CGC CTA GTG GAT GGG GAC AGC CGC TGT GCC GGG AGA GTA GAG ATC TAT CAC 3186

17/95

**Fig. 2F**

D	G	F	W	G	T	I	C	D	D	G	W	D	L	S	D	A	H	V	V	1073
GAC	GGC	TTC	TGG	GGC	ACC	ATC	TGT	GAT	GAC	GGC	TGG	GAC	CTG	AGC	GAT	GCC	CAC	GTG	GTG	3246
C	Q	K	L	G	C	G	V	A	F	N	A	T	V	S	A	H	F	G	E	1093
TGT	CAA	AAG	CTG	GGC	TGT	GGA	GTG	GCC	TTC	AAT	GCC	ACG	GTC	TCT	GCT	CAC	TTT	GGG	GAG	3306
G	S	G	P	I	W	L	D	D	L	N	C	T	G	T	E	S	H	L	W	1113
GGG	TCA	GGG	CCC	ATC	TGG	CTG	GAT	GAC	CTG	AAC	TGC	ACA	GGA	ACG	GAG	TCC	CAC	TTG	TGG	3366
Q	C	P	S	R	G	W	G	Q	H	D	C	R	H	K	E	D	A	G	V	1133
CAG	TGC	CCT	TCC	CGC	GGC	TGG	GGG	CAG	CAC	GAC	TGC	AGG	CAC	AAG	GAG	GAC	GCA	GGG	GTC	3426
I	C	S	E	F	T	A	L	R	L	Y	S	E	T	E	T	E	S	C	A	1153
ATC	TGC	TCA	GAA	TTC	ACA	GCC	TTG	AGG	CTC	TAC	AGT	GAA	ACT	GAA	ACA	GAG	AGC	TGT	GCT	3486
G	R	L	E	V	F	Y	N	G	T	W	G	S	V	G	R	R	N	I	T	1173
GGG	AGA	TTG	GAA	GTC	TTC	TAT	AAC	GGG	ACC	TGG	GGC	AGC	GTC	GGC	AGG	AGG	AAC	ATC	ACC	3546
T	A	I	A	G	I	V	C	R	Q	L	G	C	G	E	N	G	V	V	S	1193
ACA	GCC	ATA	GCA	GGC	ATT	GTG	TGC	AGG	CAG	CAG	CTG	GGC	TGT	GGG	GAG	AAT	GGA	GTT	GTC	3606
L	A	P	L	S	K	T	G	S	G	F	M	W	V	D	D	I	Q	C	P	1213
CTC	GCC	CCT	TTA	TCT	AAG	ACA	GGC	TCT	GGT	TTC	ATG	TGG	GTG	GAT	GAC	ATT	CAG	TGT	CCT	3666
K	T	H	I	S	I	W	Q	C	L	S	A	P	W	E	R	R	I	S	S	1233
AAA	ACG	CAT	ATC	TCC	ATA	TGG	CAG	TGC	CTG	TCT	GCC	CCA	TGG	GAG	CGA	AGA	ATC	TCC	AGC	3726

**Fig. 2G**

P	A	E	E	T	W	I	I	T	C	E	D	R	I	R	V	R	G	G	D	T	1253
CCA	GCA	GAA	GAG	ACC	TGG	ATC	ACA	TGT	GAA	GAT	AGA	ATA	AGA	GTG	CGT	GGA	GGA	GAC	ACC	3786	
E	C	S	G	R	V	E	I	W	H	A	G	S	W	G	T	V	C	D	D	1273	
GAG	TGC	TCT	GGG	AGA	GTG	GAG	ATC	TGG	CAC	GCA	GGC	TCC	TGG	GGC	ACA	GTG	TGT	GAT	GAC	3846	
S	W	D	L	A	E	A	E	V	V	C	Q	Q	L	G	C	G	S	A	L	1293	
TCC	TGG	GAC	CTG	GCC	GAG	GCG	GAA	GTG	GTG	TGT	CAG	CAG	CTG	GGC	TGT	GGC	TCT	GCT	CTG	3906	
A	A	L	R	D	A	S	F	G	Q	G	T	G	T	I	W	L	D	D	M	1313	
GCT	GCC	CTG	AGG	GAC	GCT	TCG	TTT	GGC	CAG	GGA	ACT	GGA	ACC	ATC	TGG	TTG	GAT	GAC	ATG	3966	
R	C	K	G	N	E	S	F	L	W	D	C	H	A	K	P	W	G	Q	S	1333	
CGG	TGC	AAA	GGA	AAT	GAG	TCA	TTT	CTA	TGG	GAC	TGT	CAC	GCC	AAA	CCC	TGG	GGA	CAG	AGT	4026	
D	C	G	H	K	E	D	A	G	V	R	C	S	G	Q	S	L	K	S	L	1353	
GAC	TGT	GGA	CAC	AAG	GAA	GAT	GCT	GGC	GTG	AGG	TGC	TCT	GGA	CAG	TCG	CTG	AAA	TCA	CTG	4086	
N	A	S	S	G	H	L	A	L	I	L	S	S	I	F	G	L	L	L	L	1373	
AAT	GCC	TCC	TCA	GGT	CAT	TTA	GCA	CTT	ATT	TTA	TCC	AGT	ATC	TTT	GGG	CTC	CTT	CTC	CTG	4146	
V	L	F	I	L	F	L	T	W	C	R	V	Q	K	Q	K	H	L	P	L	1393	
GTT	CTG	TTT	ATT	CTA	TTT	CTC	ACG	TGG	TGC	CGA	GTT	CAG	AAA	CAA	AAA	CAT	CTG	CCC	CTC	4206	
R	V	S	T	R	R	R	G	S	L	E	E	N	L	F	H	E	M	E	T	1413	
AGA	GTT	TCA	ACC	AGA	AGG	AGG	GGT	TCT	CTC	GAG	GAG	AAT	TTA	TTC	CAT	GAG	ATG	GAG	ACC	4266	

19/95

Fig. 2H

C L K R E D P H G T R T S D D T P N H G 1433  
TGC CTC AAG AGA GAG GAC CCA CAT GGG ACA AGA ACC TCA GAT GAC ACC CCC AAC CAT GGT GGT 4326

C E D A S D T S L L L G V L P A S E A T K 1453  
TGT GAA GAT GCT AGC GAC ACA TCG CTG TTG GGA GTT CTT CCT GCC TCT GAA GCC ACA AAA 4386

\* 1454  
TGA 4389

CTTTAGACTTCCAGGGCTCACCAGATCAACCTCTAAATATCTTTGAAGGAGACACAACCTTTTAAATGAATAAAGAGGA 4468  
AGTCAAGTTGCCCTATGGAAAACCTTGCCAAATAACATTTCTTGAACAATAGGAGAACACAGCTAAATTGATAAAGACTGG 4547  
TGATAATAAAAAATTGAATTATGTATATCACTGTTAAAAAAAACGACGCGTGGTTCG 4626  
AC 4628

Fig. 2I

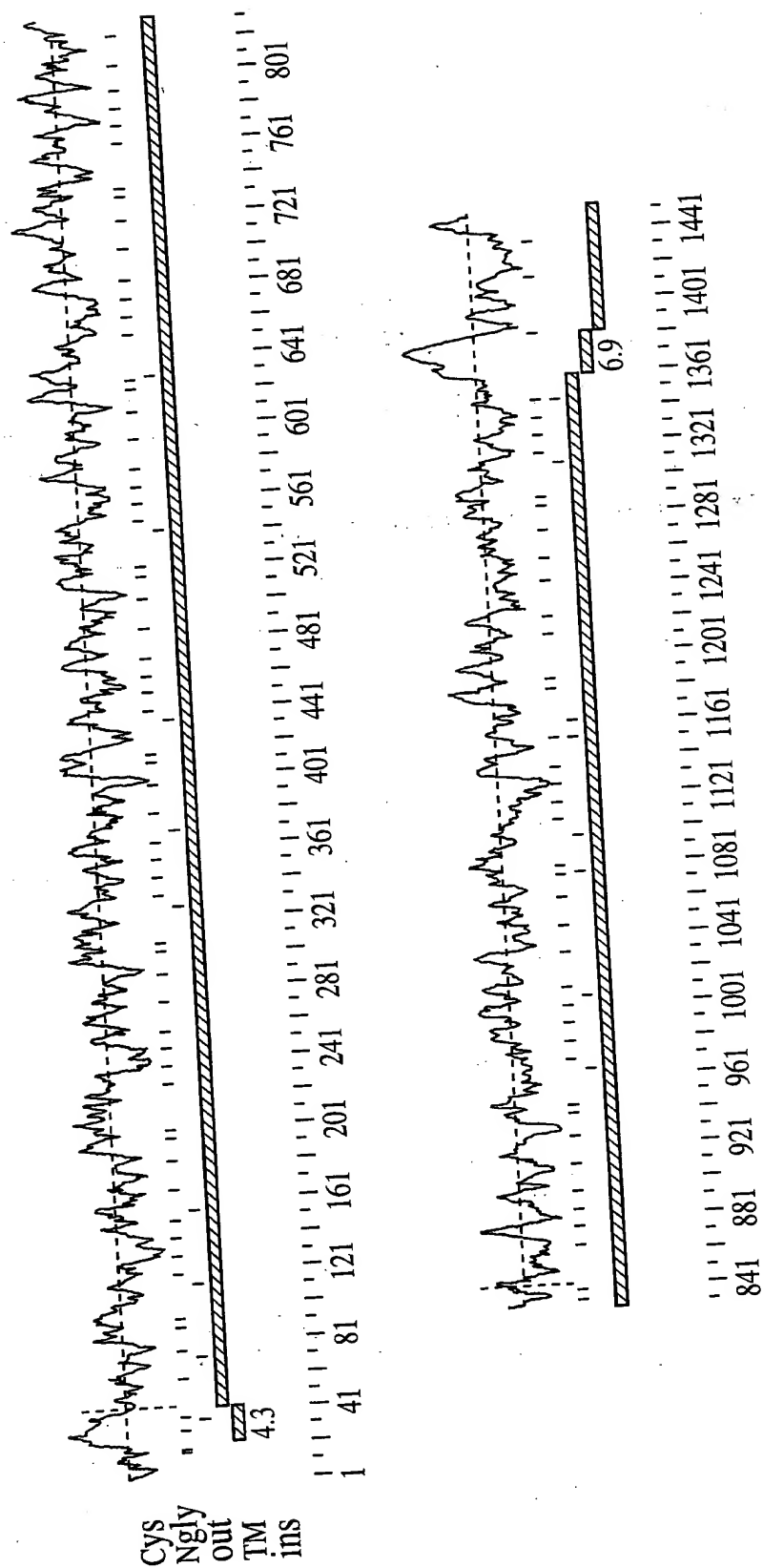


Fig. 2J

Hum.	10	20	30	40	50	60	70
	MMLPQNSWHIDFGRCCHQNLFSAVVTCILLNSCFLISSFNGTDLELRLVNGDGPCSGTVEVKFQGQWG						
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	10	20	30	40	50		
	MAL-----GR---HLSLRGL---CVLLLGT--MVG---GQALELRLKDGVHRCEGRVEVKHQGEWG						
Hum.	80	90	100	110	120	130	
	TVCDDGWNNTTASTVVCKQLGCPSEFAMERFGQAVTR-HGKIWLDDVSCYGNESALWECQH---REWGSHN						
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	60	70	80	90	100	110	
	TVDGYRWTLKDASVVCRCQLGCGAAIG-FPGGAYFGPLGPIWLLYTSCEGTSTVSDCEHSNIKDYRNDG						
Hum.	140	150	160	170	180	190	200
	CYHGEDVGVNCYGEANLGLRLVDGNNSCGRVEVKFQERWGTICDDGWNLTAAVVCRCQLGCPSSFISG						
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	120	130	140	150	160	170	180
	YNHGRDAGVVCSG----FVRLAGGDGPCSGRVEVHSGEAWIPVSDGNFTLATAQIICAELGCGKAVSVLG						
Hum.	210	220	230	240	250	260	270
	VNSPAVLRPIWLDDILCQGNELALWNCRHRGWGNHDCSHNEDVTILTCYDSSDLELRLVGGTNRCMGRVE						
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	190	200	210	220	230	240	250
	HELFPRESSAQVWAEERCEGEEPELWVCPVPCPGGTCHHSGSAQVVC SAYSEVRL-MTNGSSQCEGQVE						

Fig. 2K

```

280      290      300      310      320      330      340
Hum.  LKIQRWGTVCHHKWNNAAADVCKQLGCGTALHFAGLPHLQSGSDVVWLDGVSCSGNESFLWDCRHS
      .. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  MNISQWRALCASHWSLANANVICRQLGCGVAISTPGPHLVEEGDQILTARFHCSGAESFLWSCPVTAL
      260      270      280      290      300      310      320

350      360      370      380      390      400      410
Hum.  VNFDCLHQNDVSVICSDGADLELRADGSNNCSGRVEVRIHEQWWTICDQNWKNEQALVVCKQLGCPFSV
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGPDCSHGNTASVICS-GNQI-----QVLPQCND-----SV
      330      340      350

420      430      440      450      460      470      480
Hum.  FGSRRAKPSNEARDIWINISISCTGNESALWDCTYDGKAKRTCRRSDAGVICSDKADLRLVGAHSPCY
      ..... : ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  -----SPTGSA-----ASEDSA---PY-----CSDSRQL--RLVDGGGPCA
      360      370      380

490      500      510      520      530      540      550
Hum.  GRLEVKYQGEWGTVCHDRWSTRNAAVVCKQLGCGKPMHVFGMTYFKEASGPIWLDDVSCIGNESNIWDCE
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GRVEILDQGSWGTICDDGWDLDDARVVCRQLGCCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDNLNCTGKESHVWRCP
      390      400      410      420      430      440      450

```

Fig. 2L

```

560      570      580      590      600      610      620
Hum. HSGWGKHNCVHREDVIVTCSGDATWGLRLVGGSNRCSGRLEVFYFQGRWGTVCDDGWNSKAAAVVCSQLDC
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
WC1 SRGWGQHNCRHKQDAGVICS--EFLALRMVSEDQQCAGWLEVFYNGTWGVCVRNPMEDITVSTICRQLGC
460      470      480      490      500      510      520

630      640      650      660      670      680      690
Hum. PSSIIIGMGLNASTGYGKIWLDDVSCDGEDSLWSCRNSGWNDCSHSEVDGVICSDASDMELRLVGG
      :: . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 GDSGTLNSSVALREGFRPQWVDRIQCRKTDTSLWQCPSDPWNYNNSCSPKEEAYIWCADSR--QIRLVDGG
530      540      550      560      570      580      590

700      710      720      730      740      750      760
Hum. SRCAGKVEVNVQGAVGILCANGWGMNIAEVVCRQLECGSAIRVSRPHFTERTLHILMSNSGCTGGEASL
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
WC1 GRCSGRVEILDQGSWGTICDDRWDLDARVVCKQLGCGEALDATVSSFFGTGSGPIWLDEVNCRGEESQV
600      610      620      630      640      650      660

770      780      790      800      810      820      830
Hum. WDCIRWEWKQTACHLNMEASLICSahrQpRLVGADMPcSGRVEVKHADTWRSVCDSDFSLHAANVLCREL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 WRCPSWGRQHNCNHQEDAGVICSGF--VRLAGGDGPCSGRVEVHSGEAWTPVSDGNFTLPTAQVICAEL
670      680      690      700      710      720      730

```

Fig. 2M



840	850	860	870	880	890	900
Hum.	NCGDAISLSVGDHFGKGNGLTWA	EFQCEGSETHLALCPIVQHPEDTCIHSRE	VGVC	SR	YTDVRLV-NG	
	:: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::
WC1	GCGKAVSVLGHMPFRES	DGQVAAEFRC	DGGEPELWSCPRVPCGGTCLHSGAAQVVC	SVYTEVQLMKNG		
	740	750	760	770	780	790
						800
910	920	930	940	950	960	970
Hum.	KSQCDGQVEINVLGHWGSLCDTHWD	PEDARVLCRQLSCGTALSTTGK	YIGERSVRVW	GHRF	CHCLGNESL	
	:: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::
WC1	TSQCEGQVEMKISGRWRALCASHWSLANANVVC	RLGCGVAISTPRGPHLVEGGDQISTAQFHCSGAESF				
	810	820	830	840	850	860
						870
980	990	1000	1010	1020	1030	1040
Hum.	LDNCQMTVLGAPPCIHGNTVSVICTGSLTQPLFPCLANVSDPYLSAVPEGSALICLEDKRLRLVDGDSRC					
	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::
WC1	LMSCPVTALGGPDCSHGNTASVICS	GNHTQVLPQCNDFLSQPAGSAAESESSPYCSDSRQLRLVDGGGPC				
	880	890	900	910	920	930
						940
1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110
Hum.	AGRVEIYHDFWGTICDDGWDLSDAHVVQC	KLGC	GVAFNATVSAHFGE	SGPIWLDDDLNCTGTESHLWQC		
	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::	: ::::
WC1	GGRVEILDQGSWGTICDDDDARVVC	RLGCCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDDDLNCTGKESHVWRC				
	950	960	970	980	990	1000
						1010

Fig. 2N

1

**Fig. 20**

```

1370      1380      1390      1400      1410
Hum.  LSSIFGLLLVLFILFTWCRVQK-----QKHLPLRVS-----TRRRG-----SLEENLFHEME
      :... :...: . . : :... . . : :... : . . . . . :
WC1  IGSLFLVLVILVTQLLRW-RAERRALSSYEDALAEAVYEELDYLLTQKEGLGSPDQMTDVPDENYDDAE
1290      1300      1310      1320      1330      1340      1350

      1420      1430      1440
Hum.  TC-----LKDREDPHGTRTSD-----DTPNHGCEDAS-----DTSLLGV
      . : :...: : . . : :... : . . : :... : . . . . . :
WC1  EVPVPGTSPSQNEEEVPPPEKEDGVRSSQTGSFLNFSREAANPGEGEESFWLLQGGKGDAGYDDVELSA
1360      1370      1380      1390      1400      1410      1420

1450
Hum.  LPASEAT-K
      : . : . :
WC1  LGTSPVTFS
1430

```

Fig. 2P

4

Fig. 20i

```

280      290      300      310      320      330      340
Hum.  TCCTTCGCCCATGTTTCGTTTTGGACAAGCCGTGA--CTAGACATGGAAAAATTTGGCTTGATGATGTTTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GCCATTG--GTTTCCCTGGAGGGGCTTATTTTGGGCCAGGACTTGGCCCCCATTGGCCTTTTGATATACTTC
220      230      240      250      260      270      280
      350      360      370      380      390      400      410
Hum.  CTGTTATGGAATGAGTCAGCTCTCTGGGAATGTCAACACCGGGAATGGGGAAGCCATAACTGTTATCAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTGAAGGGACAGAGTCAACTGTCAGTGACTGTGAGCAT-TCTAATATTAAAGAC-TATC-GTAATGAT
290      300      310      320      330      340      350
      420      430      440      450      460      470      480
Hum.  GGAGAAGATGTTGGTGTGAACTGTTATGTTGGAAGCCAA-TCTGGGTTTGAG--GCTAG-TGGATGGAAAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGCTATAATCATGGTCGGGA--TGCTGGAGTAGTCTGCTCAGGATTTGTGCGTCTGGCTGGAGGGGATG
360      370      380      390      400      410      420
      490      500      510      520      530      540      550
Hum.  AACTCCTGTTCAAGGAGAGTGGAGGTGAAATTCCAAGAAAGGTGGGGACTATATGTGATGATGGGTGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GAC-CCTGCTCAGGGCGAGTAGAAGTGCATT--CTGGAGAAGCTTGGATCCCAGTGT-CTGATGGGAACT
430      440      450      460      470      480

```

Fig. 2Q<sup>iii</sup>

```

560      570      580      590      600      610      620
Hum.  ACTGAAATACTGCTGCCGTGGTGTGCAGGCAACTAGGATGTCCATCTTCTTTATTCTTCTGGAGTTGT
      .. . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1   TCACACTTGCCACTGCC-----CAG-----ATCATCTGT-----GCAGAGTTGGG
490      500      510      520

630      640      650      660      670      680      690
Hum.  TAATAGCCCTGCTGTATTGGCGCCCATTTGGCTGGATGACATTTTATGCCAGGGAATGAGTTGGCACT-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1   TTGTGGC-----AAGGCTG--TGTCTGT-----CCTGGGACATGAG-----CTCTT
530      540      550      560

700      710      720      730      740      750      760
Hum.  CTGGAATTGCAGACATCGTGGATGGGAAATCATGACTGCAGTCACAATGAGGATGTCACATTAACTTGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1   CAGAGAGTCCAGT-GCC-----CAGGTCTG--GGC---TGAAGAGTTCA-----GG
570      580      590      600

770      780      790      800      810      820      830
Hum.  TATGATAGTAGTGATCTTGAACCTAAGGCTTGTAGGTGGAACCTAACCCGCTGTATGGGGAGAGTAGAGCTGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1   TGTGAGGGGAGGAGCCTGAGCT---CT-----GGGTCTGCCCC-CAGAGTG-----CCCTG-
610      620      630      640      650

```

Fig. 2Qiii

```

      840      850      860      870      880      890      900
Hum.  AAATCCAAGGAGGTGGGGACCGGTATGCCACCATAAGTGAACAATGCTGCAGCTGATGTCGTATGCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ---TCCA-----GGGGCACGTGT--CACCACA-GTGGATC--TGCT-CAGGTTGTTTGTTCAGCAT
      660      670      680      690      700

      910      920      930      940      950      960      970
Hum.  GCAGTTGGGATGTGAACCGCACTTCACCTTCGCTGGCTTGCCCTCATTTGCAGTCAGGGTCTGATGTGTA
      . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ACT-----CAGAAGTCCGGCTCATGACAA-AC-GGCT--CCTC-TCAG-TGTGAAGGGCAGGTGGAGAT
      710      720      730      740      750      760

      980      990      1000      1010      1020      1030      1040
Hum.  TGGCTTGATGGTGTCTCCTGTCTCCGGTAATGAATCTTTTCTTTGGGACTGCAGACATTCCGGAACCGTCA
      . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GAACATT-----TCTG-GACAATGGAGAGCGCTCTGTGCCCTCCC-CTGGAGTCTGGCCCAATGCC---A
      770      780      790      800      810      820

      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
Hum.  ATTTGACTGTCTTCATCAAAACGATGTGTCTGTGATCTGCTCAGATGGAGCAGATTTGGAACCTGCGACT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTTATCTGTCGTACGCTCGGCTGTGGAGTTGCCATCTCCACCCCGGAG-----GACCAC-ACT
      830      840      850      860      870      880

```

Fig. 2Qiv

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Hum. AGCAGATGGAAGTAACAATTGTTTCAGGGAGAGTAGAGGTGAGAAATTCA-TGAACAGTGGTGGACAATATG
  :: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1 TG---GTGGAAGAAG---GTGATCAG--ATCCTAACAGCCCGATTTCACCTGCTCTG-----GGGC-----TG
      890      900      910      920      930

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Hum. TGACCAGAACTGGAAGAATGAACAAGCCCTTGTGGTTTGTAAAGCAGCTAGGATGTCCGTTTCAGCGTCTTT
  ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1 AGTCCT-TCCTGTGGAGTTGT-----CCT-GTGACT-----GCC-CTGGGTGGTCCTGACTGTTCCCCAT
      940      950      960      970      980      990

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Hum. GGCAG-TCGTCGTGCTAAACCTAGTAATGAAGCTAGAGACATTGGATAAACAGCATATCTTGCACTGGG
  ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1 GGCAACACAGCCTCTGTGATCTGTCTCAGGAAACCAGATCCAGGTGCTTCCCCAGTGCAACGA-CTCCG--
      1000      1010      1020      1030      1040      1050      1060

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Hum. AATGAGTCAGCTCTCTGGGACTGCACATATGATGGAAAAGCAAAGCGAACATGCTTCCGAAGATCAGATG
  ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1 --TGTCTCAACCTACAGGCTCTGC-----GGC-----CTCAGAGGACA-GCGCCC-----CCTACTG
      1070      1080      1090      1100

```

Fig. 2Q<sup>v</sup>



```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Hum. CTGGAGTAATTGTTCTGATAAGGCAGATCTGGACCTAAGGCTTGTCGGGGCTCATAGCCCCCTGTTATGG
    :: ...      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 CTCAGA-----CAG--CAGGCAGCTCCG--CCTGGTG---GACGGGG-GC--GGTCCCTGCGCCGG
1110      1120      1130      1140      1150      1160

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Hum. GAGATTGGAGGTGAAATACCAAGGAGAGTGGGGGACTGTGTGTCATGACAGATGGAGCACAAAGG-AATGC
    :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 GAGAGTGGAGATCCTTGACCAAGGCTCCTGGGCACCATCTGTGATGACGGCTGGGAC-CTGGACGATGC
1170      1180      1190      1200      1210      1220

1530      1540      1550      1560      1570      1580      1590
Hum. A-GCTGTTGTGTAAACAATTGGGATGTGGA-AAGCCTATGCAATGTGTTGGTATGACCTATTTAAAG
    :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 CCGC-GTGGTGTGCAGGCAGCTGGGCTGTGGAGAAGCCCTCA-ATGCCACGGGGTCTGCTCACTTCGGGG
1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290

1600      1610      1620      1630      1640      1650      1660
Hum. AAGCATCAGGACCTATTGGCTGGATGACGTTTCTTGCAATGGAAATGAGTCAAAATATCTGGGACTGTGA
    :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 CAGGATCAGGGCCCATCTGGTTGGACAACTTGAAGTGCACAGGAAAGGAGTCCCACGTGTGGAGGTGCC
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360

```

Fig. 2Qvi

```

1670      1680      1690      1700      1710      1720      1730
Hum. ACACAGTGGATGGGAAAGCATAATTGTGTACACAGAGAGGATGTGATTGTAACCTGCTCAGGTGATGCA
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 TTCCCCGGGGCTGGGGCAGCACAACTGCAGACACACAAGCAGGACGCGGGGTCACTCTGCTCAG--AGTTC-
1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430

1740      1750      1760      1770      1780      1790      1800
Hum. ACATGGGGCCTGAGGCTGGTGGGGCCGAGCAACCGCTGCTCGGGAAGACTGGAGGTGTACTTTCAAGGAC
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 -CT--GGCCCTCAGGATGGTGAGTGAGGACCAGCAGTGTGCTGGGTGGTGGAGTTTCTACAATGGGA
1440      1450      1460      1470      1480      1490      1500

1810      1820      1830      1840      1850      1860      1870
Hum. GGTGGGGCACAGTGTGTGATGACGGCTGGAACAGTAAGCTGCAGCTGTGGTGTAGCCAGCTGGACTG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 CCTGGGGCAGTGTCTGCGGTAAACCCCATGGAAGACATCACTGTGTCCACGATCTGCAGACAGCTTGGCTG
1510      1520      1530      1540      1550      1560      1570

1880      1890      1900      1910      1920      1930      1940
Hum. CCCATCTTCTATCATTTGGCATGGGTCTG-GGAAACGCTTCTA-CAGGATATGGAATAATTGGCTCGATG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1 T--GGGGACAGTGGAAACCCCTCAACTCTTCTGTGCTCTTAGAGAGAAGTTTAGGCCACAGTGGGTGGAT-
1580      1590      1600      1610      1620      1630

```

Fig. 2Qviii

**Fig. 2Qviii**

```

2230      2240      2250      2260      2270      2280
Hum.  GAGA-GCCTCATTTACAGAA--AGAACATTACACATCTTAATGTCTGAATCTGGCTGCACCTGGAGGGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTGTCTCTTCCCTTCTCGGACGGGATCAGGGCCCATCTGGCTGGATGAAGTGAACCTGCAGAGGAGAGGA
1910      1920      1930      1940      1950      1960      1970

2290      2300      2310      2320      2330      2340      2350
Hum.  AGCCTCTCTCTGGGATTGTATACGATGGGAGTGGAAACAG-ACTGCGTGTTCATTAAATATGGAAGCAAG
      . : . : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      . : . : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTCCCAAGTATGAGGTGCCCTTCCTGGGGATGGCGGCAACACAAC-TGCAATCATCAAGAAGATGCAGG
1980      1990      2000      2010      2020      2030      2040

2360      2370      2380      2390      2400      2410      2420
Hum.  TTGATCTGCTCAGCCACAGGCAGCCAGGCTGTTGGAGCTGATATGCCCTGCTCTGGACGTGTGAA
      . : : : : : : : . : . : : : : : . : : : : : : : . : : : : : : : . : : : : :
      . : : : : : : : . : : : : : : : . : : : : : : : . : : : : : : : . : : : : :
WC1  AGTCATCTGCTCAGGATTGTGC-----GTCTGGCTGGAGGAGATGGACCCCTGCTCAGGGCGGAGTAGAA
2050      2060      2070      2080      2090      2100

2430      2440      2450      2460      2470      2480      2490
Hum.  GTGAACATGCAGACACATGGCGCTCTGTCTGTGATTCTGATTCTCTCTTCATGCTGCCAATGT--GCT
      : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTGCATTCTGGAGAAAGCCTGGACCCAGTGTCTGATGGAAACTTCACACTCCCCACTGCCCAGGTCATCT
2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170

```

Fig. 2Qix

	2500	2510	2520	2530	2540	2550	2560
Hum.	GTGCAGAGAA	TAAATTGTGGAGATGCCATA	TCTTCTTCTGTGGGAGATCACT	TTGGAAAAGGG	-AATGG		
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
WC1	GTGCAGAGC	--TGGGATGTGGCAAGGCTGTGTCT	-GTCCTGGGACACATGCCATT	CAAGAGATCCGATGG			
	2180	2190	2200	2210	2220	2230	2240
	2570	2580	2590	2600	2610	2620	2630
Hum.	TCTAACTTGGCCGAAAAG	TTCCAGTGTGAAGGAGTGAAACT	CACCTTGCA	TATGCCCCATTGTTCAA			
	....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
WC1	CCAGGTC	TGGGCTGAAGAGTT	CAGGTGTGATGGGGGAGCCT	GAGCTCTGGTCCTGCCCCAGAGTGCCC			
	2250	2260	2270	2280	2290	2300	2310
	2640	2650	2660	2670	2680	2690	2700
Hum.	CATCCGGAAGACACT	TGTATCCACAGCAGAGAAAGTTGGAGTTG	CTCTGCCGATA	TACAGATGTC	CGAC		
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
WC1	TGTCCAGGAGGCACAT	GTCTCCACAGTGGAGCTGCTCAGGTTG	CTCTGTTCA	GTGTACACAGAAGTCCAGC			
	2320	2330	2340	2350	2360	2370	2380
	2710	2720	2730	2740	2750	2760	2770
Hum.	TTGTGAATGGCAAATCC	---CAGTGTGACGGGCAAGTGGAGATCAAC	GTGCT-TGGACACTGGGGCTCAC				
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
WC1	TTATGAAAAACGGCACCT	CTCTCAATGTGAGGGCAGGTGGAGAT	-GAAGATCTCTGGACGATGGAGAGCGC				
	2390	2400	2410	2420	2430	2440	2450

Fig. 2Qx

```

2780      2790      2800      2810      2820      2830      2840
Hum.  TGTGTGACACCCACTGGGACCCAGAAAGATGCCCGTGTTCATATGCAGACAGCTCAGCTGTGGGACTGCTCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TCTGTGCCCTCCCACTGGAGTCTGGCCAATGCCCAATGTTGCTGTCTGTCTCAGCTCGGCTGTGGAGTCGCCCAT
2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520

2850      2860      2870      2880      2890      2900      2910
Hum.  CTCAACCCACAGGAGGAAAATATATTGGAGAAAGAGTGTTCGTGTGTGGGACACAGGTTTCATTGCTTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTCCACCCCAAGAGGACCACTTGGTGAAGGAGGTGATCAGATCTCAACAGCCCCAATTTCAGCTGCTCA
2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590

2920      2930      2940      2950      2960      2970      2980
Hum.  GGGAATGAGTCACCTCTGGATAAAGTGTCAAAATGACAGTTCTTGGAGCACCTCCCTGTATCCATGGAAATA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGGGCTGAGTCCTTCCTGTGGAGTTGTCCTGTGACTGCCCTTGGTGGGCCCTGACTGTTCCCATGGCAACA
2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660

2990      3000      3010      3020      3030      3040      3050
Hum.  CTGTCTCTGTGATCTGCACAGGAAGCCCTGACCCAGCCACTGTTTCCATGCGCTCGCAAATGTATCTGACCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CAGCCTCTGTGATCTGCTCAGGAAACCAACACCCAGGTGCTGCCCCAGTGCAACGACTTCTCTGTCTCAACC
2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730

```

Fig. 2Qxi

Fig. 2Qxii

```

3340      3350      3360      3370      3380      3390      3400
Hum.  CACTTGTGCAGTGGCCCTTCCCGCGGCTGGGGCAGCAGCACTGCAGGCACAAGGAGGACGCAGGGGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CACGTGTGGAGGTGCCCTTCCCGGGGCTGGGGCGGCACGACTGCAGACACACAAGGAGGACGCCGGGTCA
3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080

3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470
Hum.  TCTGCTCAGAATTACAGCCCTTGAGGCTCTACAGTGAAACTGAAACAGAGAGCTGTGCTGGGAGATTGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TCTGCTCAGAGTTCCTGGCCCTCAGGAT----GGTGAG-CGAGGACCAAGCAG-TGTGCTGGGTGGCTGGA
3090      3100      3110      3120      3130      3140

3480      3490      3500      3510      3520      3530      3540
Hum.  AGTCTTCTATAACGGGACCTGGGGCAGCGTCGGCAGGAGGAACATCACACAGCCATAGCAGGCATTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGTTTTCTACAACGGGACCTGGGGCAGTGTCTGCCGCGAGCCCCCATGGAAGATATCACTGTGTCCGTGATC
3150      3160      3170      3180      3190      3200      3210

3550      3560      3570      3580      3590      3600
Hum.  TGCAGGCAGCTGGGCTGTGGGAGAAATGGAGTTGTACGCTCGCCCCCTTTA--TCT-AAGACAGGCTCTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TGCAGACAGCTTGGATGTGGGGACAGTGGA--AGTCT-CAACACCTCTGTGGTCTCAGGGAAGGTTCTA
3220      3230      3240      3250      3260      3270      3280

```

Fig. 2Qxiii



```

3610      3620      3630      3640      3650      3660      3670
Hum.  GTTTCATGTGGTGATGACATTCAAGTGTCTAAACGCATATCTCCATATGGCAGTGCCTGTCTGCCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GACCCCGGTGGTAGATTAAATTCAGTGTCTCGGAAATGGATAACCTCTCTCTGGCAGTGTCTCTTGCCCC
3290      3300      3310      3320      3330      3340      3350

3680      3690      3700      3710      3720      3730      3740
Hum.  ATGGAGCGAAGAAATCTCCAGCCCCAGCAGAGACCTTGGATCACATGTGAAGATAGAATA---AGAG-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGGAATAACAGTTCATGCTCTCCAAAGGAGGAGCCCTACATCTCATGTGAAGGAAGAACCCCAAGAGC
3360      3370      3380      3390      3400      3410      3420

Hum.  -----TGC-----
      : : :
WC1  TGTCCAACTGCTGCCGCTGCACACAGACAGAGAGAAGCTCCGCCCTCAGGGGAGGAGACAGCGAGTGTCTCAG
3430      3440      3450      3460      3470      3480      3490

3770      3780      3790      3800      3810      3820      3830
Hum.  GGAGAGTGGAGATCTGGCACGCAGGCTCCTGGGCACAGTGTGTGATGACTCCTGGACCTGGCCGAGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GCGGGTGGAGGTGTGGCACAAACGGCTCCTGGGGCACCGTGTGCGATGACTCCTGGAGCCTGGCAGAGGC
3500      3510      3520      3530      3540      3550      3560

```

Fig. 2Qxiv

Fig. 2Qxv

```

Hum.  G-----TATCTT-----TGGGCTC-CTTCTC-----CTGGTTCT-----GTTTATTCTATTCTCA
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1  GGGTTCTCTGCCTTATCCTGGGTCGCTTCTCTCCCTGGTCCTCGTCATCCTGGTGACTCAGCTACTCA
      3850   3860   3870   3880   3890   3900   3910

Hum.  CGTGGTG--CCGAGTTCAGAAACAAAACATCT-----GCC--CT-----CAGAGTTT-----
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1  GATGAGAGCAGAGCGCAGAGCCTTATCCAGCTATGAAGATGCTCTTGCTGAAGCTGTGTATGAGGAGCT
      3920   3930   3940   3950   3960   3970   3980

Hum.  -----CAAC-----CAGAAAGGAGGG---GTTCT-CTCG---AGGAGAAATTATCCATGA-----
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1  CGATTACCTTCTGACACAGAAAGGAGTCTGGGCAGCCCAGATCAGATGACTGATGTCCCTGATGAAAT
      3990   4000   4010   4020   4030   4040   4050

Hum.  4230   4240   4250
      ---GATGGAG-----ACCTG-----CCTC-----AAGAGAGAGGAC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1  TATGATGATGCTGAAGAAGTACCAGTGCCTGGAACCTCTCTCCCTCTCAGGGGAATGAGGAGGAAGTGC
      4060   4070   4080   4090   4100   4110   4120

```

Fig. 2Qxvi

```

4260      4270      4280      4290
Hum.  CCACATGGGACAAGAAC-----CTCAGA-TGACAC---CC-----CCAA-----
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CCCCAGAGAAGGAGGACGGGGTGAGGTCCTCTCAGACAGGCTCTTTCCTGAACTTCTCCAGAGGCAGC
4130      4140      4150      4160      4170      4180      4190

      4300      4310      4320      4330
Hum.  ----CCATGGTT--GTGAAGA-----TGCTAGCGACAC-----ATCGCTG--TTGGGAGTT
      :: :: . :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  TAATCCTGGGAAGGAGAAGAGAGCTTCTGGCTGCTCCAGGGGAAGAAAGGGATGCTGGGTATGATGAT
4200      4210      4220      4230      4240      4250      4260

      4340      4350
Hum.  CTT-----CCTG-----CCTCTGAAGCCACAAA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  GTTGAAC TCAGTCCCCTGGGAACATCCCCAGTGACTTTCTCG
4270      4280      4290      4300

```

Fig. 2Qxviii

[illegible]

Fig. 3A

K G Q S P F D P A H K H T A V L V D G M 192  
 AAA GGC CAA AGC CCC TTT GAC CCC GCT CAC AAG CAT ACG GCT GTC TTG GTG GAT GGG ATG 607  
  
 L Y S G T M N N F L G S E P I L M R T L 212  
 CTC TAT TCT GGT ACT ATG AAC AAC TTC CTG GGC AGT GAG CCC ATC CTG ATG CGC ACA CTG 667  
  
 G S Q P V L K T D N F L R L H H D A S 232  
 GGA TCC CAG CCT GTC CTC AAG ACC GAC AAC TTC CTC CGC TGG CTG CAT CAT GAC GCC TCC 727  
  
 F V A A I P S T Q V V Y F F E E T A S 252  
 TTT GTG GCA GCC ATC CCT TCG ACC CAG GTC GTC TAC TTC TTC TTT GAG GAG ACA GCC AGC 787  
  
 E F D F F E R L H T S R V A R V C K N D 272  
 GAG TTT GAC TTC TTT GAG AGG CTC CAC ACA TCG CGG GTG GCT AGA GTC TGC AAG AAT GAC 847  
  
 V G G E K L L Q K K W T T F L K A Q L L 292  
 GTG GGC GGC GAA AAG CTG CTG CAG AAG AAG TGG ACC ACC TTC CTG AAG GCC CAG CTG CTC 907  
  
 C T Q P G Q L P F N V I R H A V L L P A 312  
 TGC ACC CAG CCG GGC CAG CTG CCC TTC AAC GTC ATC CGC CAC GCG GTC CTG CTC CCC GCC 967  
  
 D S P T A P H I Y A V F T S Q W Q V G G 332  
 GAT TCT CCC ACA GCT CCC CAC ATC TAC GCA GTC TTC ACC TTC CAG TGG CAG GTT GGC GGG 1027  
  
 T R S S A V C A F S L L D I E R V F K G 352  
 ACC AGG AGC TCT GCG GTT TGT GCC TTC TCT CTC TTG GAC ATT GAA CGT GTC TTT AAG GGC 1087

46/95

Fig. 3B

K Y K E L N K E T S R W T T Y R G P E T 372  
 AAA TAC AAA GAG TTG AAC AAA GAA ACT TCA CGC TGG ACT ACT TAT AGG GGC CCT GAG ACC 1147  
 N P R P G S C S V G P S S D K A L T F M 392  
 AAC CCC CGG CCA GGC AGT TGC TCA GTG GGC CCC TCC TCT GAT AAG GCC CTG ACC TTC ATG 1207  
 K D H F L M D E Q V V G T P L L V K S G 412  
 AAG GAC CAT TTC CTG ATG ATG GAT GAG CAA GTG GTG GGC ACG CCC CTG CTG GTG AAA TCT GGC 1267  
 V E Y T R L A A V E T A Q G L D G H S H L 432  
 GTG GAG TAT ACA CGG CTT GCA GTG GAG ACA GCC CAG GGC CTT GAT GGG CAC AGC CAT CTT 1327  
 V M Y L G T T T G S L H K A V V S G D S 452  
 GTC ATG TAC CTG GGA ACC ACC ACA GGG TCG CTC CAC AAG GCT GTG GTA AGT GGG GAC AGC 1387  
 S A H L V E E I Q L F P D P E P V R N L 472  
 AGT GCT CAT CTG GTG GAA GAG ATT CAG CTG TTC CCT GAC CCT GAA CCT GTT CGC AAC CTG 1447  
 Q L A P T Q G A V F V G F S G G V W R V 492  
 CAG CTG GCC CCC ACC CAG GGT GCA GTG TTT GTA GGC TTC TCA GGA GGT GTC TGG AGG GTG 1507  
 P R A N C S V Y E S C V D C V L A R D P 512  
 CCC CGA GCC AAC TGT AGT GTC TAT GAG AGC TGT GTG GAC TGT GTC CTT GCC CGG GAC CCC 1567  
 H C A W D P E S R T C C L L S A P N L N 532  
 CAC TGT GCC TGG GAC CCT GAG TCC CGA ACC TGT TGC CTC CTG TCT GCC CCC AAC CTG AAC 1627

47/95

Fig. 3C

S W K Q D M E R G N P E W A C A S G P M 552  
 TCC TGG AAG CAG GAC ATG GAG CGG GGG AAC CCA GAG TGG GCA TGT GCC AGT GGC CCC ATG 1687  
  
 S R S L R P Q S R P Q I I K E V L A V P 572  
 AGC AGG AGC CTT CGG CCT CAG AGC CGC CCG CAA ATC ATT AAA GAA GTC CTG GCT GTC CCC 1747  
  
 N S I L E L P C P H L S A L A S Y Y W S 592  
 AAC TCC ATC CTG GAG CTC CCC TGC CCC CAC CTG TCA GCC TTG GCC TCT TAT TAT TGG AGT 1807  
  
 H G P A A V P E A S S T V Y N G S L L L 612  
 CAT GGC CCA GCA GTC CCA GAA GCC TCT TCC ACT GTC TAC AAT GGC TCC CTC TTG CTG 1867  
  
 I V Q D G V G G L Y Q C W A T E N G F S 632  
 ATA GTG CAG GAT GGA GTT GGG GGT CTC TAC CAG TGC TGG GCA ACT GAG AAT GGC TTT TCA 1927  
  
 Y P V I S Y W V D S Q Q CAG GAC GAC CAG ACC CTG GCC CTG GAT CCT GAA 1987  
 TAC CCT GTG ATC TCC TAC TGG GTG GAC AGC CAG GAC CAG ACC CTG GCC CTG GAT CCT GAA 1987  
  
 L A G I P R E H V K V P L T R V S G G A 672  
 CTG GCA GGC ATC CCC CGG GAG CAT GTG AAG GTC CCG TTG ACC AGG GTC AGT GGT GGG GCC 2047  
  
 A L A A Q Q S Y W P H F V T V T V L F A 692  
 GCC CTG GCT GCC CAG CAG TCC TAC TGG CCC CAC TTT GTC ACT GTC ACT GTC CTC TTT GCC 2107  
  
 L V L S G A L I I L V A S P L R A L R A 712  
 TTA GTG CTT TCA GGA GCC CTC ATC ATC CTC GTG GCC TCC CCA TTG AGA GCA CTC CGG GCT 2167

48 / 95

Fig. 3D



R G K V Q G C E T L R P G E K A P L S R 732  
CGG GGC AAG GTT CAG GGC TGT GAG ACC CTG CGC CCT GGG GAG AAG GCC CCG TTA AGC AGA 2227

E Q H L Q S P K E C R T S A S D V D A D 752  
GAG CAA CAC CTC CAG TCT CCC AAG GAA TGC AGG ACC TCT GCC AGT GAT GTG GAC GCT GAC 2287

N N C L G T E V A \* 762  
AAC AAC TGC CTA GGC ACT GAG GTA GCT TAA 2317

ACTTAGGCACAGCGGGGCTGCGGTGCAGGCACCTGGCCATGCTGGCTGGCGGCCCAAGCACAGCCCTGACTAGGA 2396  
TGACAGCAGCACAAAGACACCTTTCTCCCTGAGAGAGCTTCTGCTACTCTGCATCACTGATGACACTCAGCAGGG 2475  
TGATGCACAGCAGTCTGCCTCCCTATGGGACTCCCTTCTACCAAGCACATGAGCTCTCTAACAGGGTGGGGCTACCC 2554  
CCAGACCTGCTCCTACACTGATATTGAAGAACCCTGGAGAGGATCCTTCAGTTCTGGCCATTCCAGGGACCCCTCCAGAAA 2633  
CACAGTGTTCAGAGATCCTAAAAAACCTGCCTGTCCAGGACCCCTATGGTAATGAACACCAACATCTAAACAATC 2712  
ATATGCTAACATGCCACTCCTGGAAACTCCACTCTGAAGCTGCCGCTTTGGACACCAACACTCCCTTCTCCCAGGGTCA 2791  
TGCAGGGATCTGCTCCCTCCTGCTTCCCTTACCAGTCGTGACCCGCTGACTCCCAGGAAGTCTTTCTCTGAAGTCTGACC 2870  
ACCTTCTTCTTGTTCAGTTGGGCAGACTCTGATCCCTTCTGCCCTGGCAGAATGGCAGGGTAATCTGAGCCTTCT 2949  
TCACTCCTTTACCCCTAGCTGACCCCTTCACTCTCCCCCTCCCTTTTCTCTTTGGGATTTCAGAAAACTGCTTGTG 3028  
AGAGACTGTTATTTTTTATTAAATAATATAAGGCTTAAAAAATAAAAAAAGGGCGGCCG 3104

Fig. 3E

Hum.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPALGLDPWSLLGLFLFQLQLLLPTTTAGGGGGQGPMPRVRYAGDERRALSFFHQKGLQDFDTLLLS						
	..... : .....						
Mur.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPSLGQDSWSLLRVFFQLFLPSLPPASGTGGQGPMPRVKYHAGDGHRALESFFQKGLRDFDTLLLS						
	..... : .....						
Hum.	80	90	100	110	120	130	140
	GDGNTLYVGAREAILALDIQDPGVPRILKNMIPWASDRKKSECAFKKKSNETQCENFIRVLVSYNVTHLY						
	..... : .....						
Mur.	80	90	100	110	120	130	140
	DDGNTLYVGARETVLALNIQNPGLPRLKNMIPWPASERKKTECAFKKKSNETQCENFIRVLVSYNATHLY						
	..... : .....						
Hum.	150	160	170	180	190	200	210
	TCGTFAFSPACTFIELQDSYLLPISEDKVMEGKGQSPFPAHKHTAVLVDGMLYSGTMNFFLGSEFILMR						
	..... : .....						
Mur.	150	160	170	180	190	200	210
	ACGTFAFSPACTFIELQDSLLLPILIDKVMGKGQSPFLTSTQAVLVDGMLYSGTMNFFLGSEFILMR						
	..... : .....						
Hum.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSQPVLTNDNFLRWLHHDASFVAaipSTQVVYFFFEETASEDFFERLHTSRVARVCKNDVGGEKLLQ						
	..... : .....						
Mur.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSHPVLTDFLRWLHADASFVAaipSTQVVYFFFEETASEDFFEEELYISRVAQVCKNDVGGEKLLQ						
	..... : .....						

Fig. 3F

Hum.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCTOPGQLPFNVIRHAVLLPADSPTAPHIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCAQPGQLPFNIIRHAVLLPADSPSVSRIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGPETNPRPGSCSVGPSSDKALTFMKDHFLMDEQVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGSEVSPRPGSCSMGPSSDKALTFMKDHFLMDEHVVGTPPLLVKSGVEYTRLAV						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	430	440	450	460	470	480	490
	ETAQGLDGHSHLVMYLGTGTLGSLHKAVVSGDSSAHLVEEIQLFDPPEPVRNLQLAPTQGA VFGVFGSGGVW						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	430	440	450	460	470	480	490
	ESARGLDGSSHVMYLGSTGTGTLGSLHKAVVPODSSAYLVEEIQLSPDSEPVNRNLQLAPAQGA VFAFGSGGIW						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	500	510	520	530	540	550	560
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCCLLSAPNLNSWKQDMERGNPEWACASGPM SRSRLRPQS						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	500	510	520	530	540	550	
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCLSLSGST-KPWKQDMERGNPEWVCTRGPM ARSPRRQS						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Fig. 3G

Hum.	570	580	590	600	610	620	630
	RPQIIKEVLAVPNSILELPCPHLSALASYWSHGPAAVPEASSTVYNGSLLLI	VQDGVGGLYQCWATENG					
Mur.	560	570	580	590	600	610	620
	PPQLIKEVLTVPNSILELPCPHLSALASYWSHGRAKISEASATVYNGSLLLLPQDGVGGLYQCVA	TENG					
Hum.	640	650	660	670	680	690	700
	FSYPVISYWVDSQDQTLALDPELAGIPREHVKVPLTRVSGGAALAAQSYWPHFVT	TVL	FALVLSGALI				
Mur.	630	640	650	660	670	680	690
	YSYPVVSYWVDSQDQPLALDPELAGVPRERVQVPLTRVGGGASMAAQRSYWP	FLI	VTVLLAIVLLGVLT				
Hum.	710	720	730	740	750	760	
	ILVASPLRALRARGKVQGCETLRPGEKAPLSREQHLQSPKECRTSASD	VDADNNCLGTEVA					
Mur.	700	710	720	730	740	750	760
	LLASPLGALRARGKVQCGMLPPREKAPLSRDQHLQPSKDHR	TSASD	VDADNNHLGAEVA				

Fig. 3H

```

Hum.  GTCG-AC-CC-----ACG-----CGTCCGGT-----CTGTGGCTGAGCATGGC
      :: :: ::
Mur.  CTCGACGCCCTGGGTTAGGGTCTGTACTGCTGGGAACCATCTGGTGACCATCTCAGGCTGACCATGGC
      10   20   30   40   50   60   70

Hum.  CCTCCCAGCCCTGGGCTGGACCCCTGGAGCCTCCTGGGCCCTTTCCCTCTTCCAACCTGCTTC-AGCTGCT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
Mur.  CCTACCATCCCTGGGCCAGGACTCATGGAGTCTCCTGCGTGTTTTTTCTTCCAACCT-CTTCCTGCTGCC
      80   90   100  110  120  130

Hum.  GCTGCCGACGACCGCGGGGGAGCGCGGCGAGGGGCCCATGCCAGGGTCAGATACTATGCAGGGGAT
      110  120  130  140  150  160  170
Mur.  ATCACTGCCACCTGCTTCTGGGACTGGTGGTCAGGGGCCCATGCCAGAGTCAAATACCATGCTGGAGAC
      140  150  160  170  180  190  200

Hum.  GAACGTAGGGCACTTAGCTTCTTCCACCAGAAAGGCCCTCCAGGATTTTGACACTCTGCTCCTGAGTGGTG
      180  190  200  210  220  230  240
Mur.  GGGCACAGGGCCCTCAGCTTCTTCCAACAAAGGCCCTCCGAGACTTTGACACGCTGCTCCTGAGTGACG
      210  220  230  240  250  260  270

```

Fig. 3I

**Fig. 3J**

[illegible]

Fig. 3K

	810	820	830	840	850	860	870
Hum.	GAGGCTCCACACATCGCGGGTGGCTAGAGTCTGCAAGAAATGACGTGGGCGGCGAAAAGCTGCTGCAGAAG						
	840	850	860	870	880	890	900
Mur.	AGAGCTGTATATATCCAGGGTGGCTCAAGTCTGCAAGAACGACGTGGGCGGTGAAAAGCTGCTGCAGAAG						
	880	890	900	910	920	930	940
Hum.	AAGTGGACCACCTTCCTGAAGGCCAGCTGCTGCACCCAGCCGGGCGAGCTGCCCTTCAACGTCATCC						
	910	920	930	940	950	960	970
Mur.	AAGTGGACCACCTTCCTCAAAGCCCCAGTTGCTCTGCGCTCAGCCAGGCGAGCTGCCATTCAACATCATCC						
	950	960	970	980	990	1000	1010
Hum.	GCCACGGGTCCTGCTCCCCCGCGATTCTCCACAGCTCCCCACATCTACGCAGTCTTCACCTCCCAGTG						
	980	990	1000	1010	1020	1030	1040
Mur.	GCCACGGGTCCTGCTGCCCGCGGATTCTCCCTCTGTGTTCCCGCATCTACGCAGTCTTTACCTCCCAGTG						
	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080
Hum.	GCAGGTTGGCGGGACCAGGAGCTCTGCGGTTTGTCGCTTCTCTCTCTTGACATTGAACGTGTCTTTAAG						
	1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110
Mur.	GCAGGTTGGCGGGACCAGGAGCTCAGCAGTCTGTGCTTCTCTCTCAGCGACATTGAGCGAGTCTTTAA						

Fig. 3L



```

1090      1100      1110      1120      1130      1140      1150
Hum.  GGGAAATACAAAGAGTTGAACAAAGAAACTTCACGCTGGACTACTTATAGGGGCCCTGAGACCAACCCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  GGGAGTACAAGGAGCTGAACAAGGAGACCTCCCGCTGGACCACTTACCGGGGCTCAGAGGTCAGCCCCGA
1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180

1160      1170      1180      1190      1200      1210      1220
Hum.  GGCCAGGCAGTTGCTCAGTGGGCCCTCCTCTGATAAGGCCCTGACCTTCATGAAGGACCATTTCCTGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  GGCCAGGCAGTTGCTCCATGGGCCCTCCTCTGACAAAGCCTTGACCTTCATGAAGGACCATTTCCTGAT
1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250

1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290
Hum.  GGATGAGCAAGTGGTGGGACGCCCTGCTGGTGAATCTGGCGTGGAGTATACACGGCTTGCAGTGGAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  GGATGAGCACGTGGTAGGAACACCCCTGCTGGTGAAGTCTGGTGTGGAGTACACACGGCTTGTGTGGAG
1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320

1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
Hum.  ACAGCCCAGGGCCTTGATGGGCACAGCCCATCTTGTTCATGTACCTGGGAACCAACACAGGGTCGCTCCACA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  TCAGTCGGGGCCTTGATGGGAGCAGCCATGTGGTCAATGTATCTGGGTACCTCCACGGGTCCCCTGCACA
1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390

```

Fig. 3M

	1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430
Hum.	AGGCTGTGGTAAGTGGGGACAGCAGTGCTCATCTGGTGGAGAGATT	CAGCTGTTCCCTGACCCCTGAACC					
	1400	1410	1420	1430	1440	1450	1460
Mur.	AGGCTGTGGTGCCTCAGGACAGCAGTGCTTATCTCGTGGAGGAGATT	CAGCTGAGCCCTGACTCTGAGCC					
	1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530
Hum.	TGTTTCGAAACCTGCAGCTGGCCCCCGCCAGGGTGCA	GTGTTGTAGGCTTCTCAGGAGGTGCTGGAGG					
	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
Mur.	GTGCCCCGAGCCAACTGTAGTGTCTATGAGAGCTGTGTGGACTGTGTCCCTTGCCCCGGGACCCCACTGTG						
	1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670
Hum.	CCTGGGACCCCTGAGTCCCGAACCTGTTGCCCTCCTGTCTGCCCCCAACCTGA	ACTCCTGGAAGCAGGACAT					
	1680	1690	1700	1710	1720	1730	1740
Mur.	CCTGGGACCCCTGAATCAAGACTCTGCAGCCTTCTGTCTGGCTC-TACCAAGCCT--TGAAGCAGGACAT						

Fig. 3N

	1650	1660	1670	1680	1690	1700	1710
Hum.	GGAGCGGGGAACCCAGAGTGGGCATGTGCCAGTGGCCCCCATGAGCAGGAGCCTTCGGCCCTCAGAGCCGC						
	1680	1690	1700	1710	1720	1730	1740
Mur.	GGAACGGGCAACCCGGAGTGGGTATGCACCCCGTGGCCCCCATGGCCAGGAGCCCCCGGCGTCAAGAGCCCC						
	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780
Hum.	CCGCAATCATTAAGAAGTCCTGGCTGTCCCAACTCCATCCTGGAGCTCCCTGCCCCACCTGTCTCAG						
	1750	1760	1770	1780	1790	1800	1810
Mur.	CCTCAACTAATTAAGAAGTCCTGACAGTCCCCCAACTCCATCCTGGAGCTGGCTGCCCCACCTGTCTCAG						
	1790	1800	1810	1820	1830	1840	1850
Hum.	CCTTGGCCCTCTATTATTGGAGTCATGGCCCCAGCAGAGTCCCAGAAGCCTCTTCCACTGTCTACAATGG						
	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880
Mur.	CACTGGCCCTCTTACCACCTGGAGTCATGGCCGAGCCAAATCTCAGAAGCCTCTGCTACCGTCTACAATGG						
	1860	1870	1880	1890	1900	1910	1920
Hum.	CTCCCTCTTGCTGATAGTGCAGGATGGAGTTGGGGGTCTCTACCAGTGTGGGCAACTGAGAAATGGCTTT						
	1890	1900	1910	1920	1930	1940	1950
Mur.	CTCCCTCTTGCTGCTGCCGAGGATGGTGTCTGGGGGCTCTACCAGTGTGTGGCGACTGAGAACGGCTAC						

Fig. 30

	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990
Hum.	TCATACCCCTGTGATCTCCTACTGGGTGGACAGCCAGGACACCCCTGGCCCTGGATCCTGAACTGGCAG						
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
Mur.	TCATACCCCTGTGGTCTCCTATTGGGTAGACAGCCAGGACACCCCTGGCGCTGGACCCCTGAGCTGGCGG						
	1960	1970	1980	1990	2000	2010	2020
	2000	2010	2020	2030	2040	2050	2060
Hum.	GCATCCCCCGGAGCATGTGAAGGTCCCCTTGACCAGGGTCAGTGGTGGGCCGCCCTGGCTGCCAGCA						
	::::	::::	::::	::::	::::	::::	::::
Mur.	GCGTTCCCCCGTGAGCGTGTGCAGGTCCCCGCTGACCAGGGTCGGAGGGAGCTTCCATGGCTGCCACGCG						
	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090
	2070	2080	2090	2100	2110	2120	2130
Hum.	GTCCTACTGGCCCCACTTTGTCACTGTCACTGTCTCTTTGCCCTTAGTGCTTTCAGAGCCCTCATCATC						
	::::::::::	::::	::::	::::	::::	::::	::::
Mur.	GTCCTACTGGCCCCCATTTTCTCATCGTTACCGTCTCTCTGCGCCATCGTGCTCCTGGGAGTGCTCACTCTC						
	2100	2110	2120	2130	2140	2150	2160
	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200
Hum.	CTCGTGGCCTCCCCCATTTGAGAGCACTCCGGGCTCGGGGCAAGGTTCAAGGCTGTGAGACCCCTGCGCCCTG						
	::	::	::::	::::	::::	::::	::::
Mur.	CTCCTCGCTTCCCCCACTGGGGCGCTGCGGGCTCGGGGTAAGGTTCAAGGCTGTGGGATGCTGCCCCCA						
	2170	2180	2190	2200	2210	2220	2230

Fig. 3P

30



```

                2760      2770      2780      2790      2800      2810
Hum.  ----GCTGCCGCTTTGGACACCAACACTCCCTTCT-CCCAGG-GTCATGCAGGGATCTGCTCCCTCCTGC
        ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  AGCAGCTGCTGCTTTGAACACACAGCCACCCCTCCTTCCCAAGAGTCTCTATGGAGTTGGC-CCCTTGTGT
        2730      2740      2750      2760      2770      2780      2790

                2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880
Hum.  TTCCCTTACCAGTCGTGCACCGCTGACTCCCAGGAAGTCTTTCCTGAAGTCTGACCACTTTCTTCTTGC
        ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  TTCCCTTACCAGTCGGGCCATACTGTTT---GGGAAGTCATCTCTGAAGTCTAACCACTTCCCTTCTTGG
        2800      2810      2820      2830      2840      2850

                2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950
Hum.  TTCAGTTGGGCAGACTCTGATCCCT---TCTGCCCTGGCAGAAATGCAGGGGTAATCTGAGCCTTCTTC
        ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  TTCAGTTTGGACAGATTGTTATTATTGTCTCTGCCCTGGCTAGAAATGGGGGCATAATCTGAGCCTTGTTTC
        2860      2870      2880      2890      2900      2910      2920

                2960      2970      2980      2990      3000      3010
Hum.  ACTCCTTTACCC---TAGCTGACCCCTTCACCTCTCCC--CCTCCCTTTTCCCTTTGTTTGGGATTCAGA
        ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  ---CCTTGTCAGTGTGGCTGACCC-TTGACCTCTTCCCTTCCCTCC---TCCCTTTGTTTGGGATTCAGA
        2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990

```

Fig. 3S

**Fig. 3T**



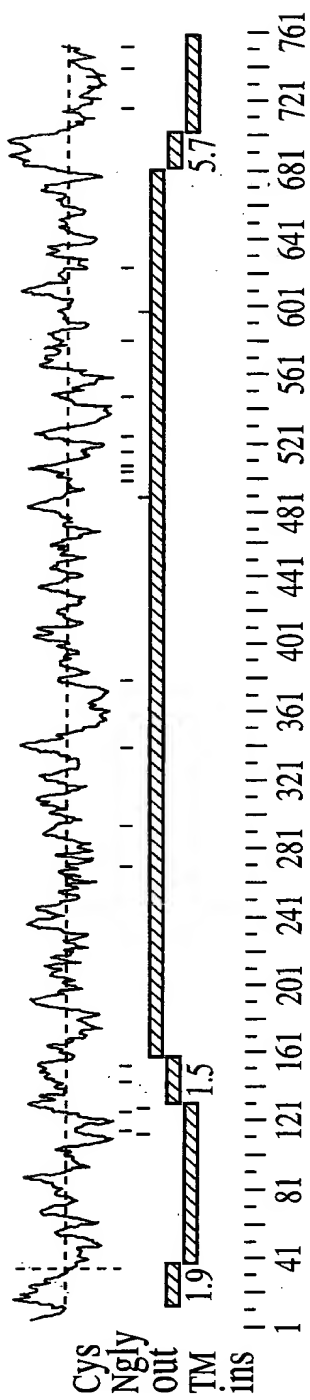


Fig. 3U

GTCGACCCACGCGTCCGCGGACGCGGTGGGACGGCTCCCGGCTGCGAGTCTGCCCGCCCGCGCGGGCGCGGAGTC	79
<div style="display: flex; justify-content: space-around; margin-top: 10px;"> <span>M</span> <span>R</span> <span>R</span> <span>Q</span> <span>P</span> <span>A</span> </div>	
GCGAAGCGCGCTGCGACCCGCGTCCGGCGCGCTGGAGAGACGCGAGGAGCC ATG AGG CGC CAG CCT GCG	152
K V A A L L L G L L L E C T E A K K H C	26
AAG GTG GCG CTG CTG CTC GGG CTG CTC TTG GAG TGC ACA GAA GCC AAA AAG CAT TGC	212
W Y F E G L Y P T Y Y I C R S Y E D C C	46
TGG TAT TTC GAA GGA CTC TAT CCA ACC TAT TAT ATA TGC CGC TCC TAC GAG GAC TGC TGT	272
G S R C C V R A L S I Q R L W Y F W F L	66
GGC TCC AGG TGC TGT GTG CGG GCC CTC TCC ATA CAG AGG CTG TGG TAC TTC TGG TTC CTT	332
L M M G V L F C C G A G F I R R M Y	86
CTG ATG ATG GGC GTG CTT TTC TGC TGC GGA GCC GGC TTC TTC ATC CGG AGG CGC ATG TAC	392
P P P L I E E P A F N V S Y T R Q P P N	106
CCC CCG CCG CTG ATC GAG GAG CCA GCC TTC AAT GTG TCC TAC ACC AGG CAG CCC CCA AAT	452
P G P G A Q Q P G P P Y T D P G G P G	126
CCC GGC CCA GGA GCC CAG CAG CCG GCG CCG CCC TAT TAC ACT GAC CCA GGA GGA CCG GGG	512
M N P V G N S M A M A F Q V P P N S P Q	146
ATG AAC CCT GTC GGC AAT TCC ATG GCA ATG GCT TTC CAG GTC CCA CCC AAC TCA CCC CAG	572

66 / 95

Fig. 4A

G S V A C P P P P A Y C N T P P P Y E 166  
 GGG AGT GTG GCC TGC CCG CCT CCA GCC TAC TGC AAC ACG CCT CCG CCC CCG TAC GAA 632

Q V V K A K \* 173  
 CAG GTA GTG AAG GCC AAG TAG 653

TGGGTGCCCACGTGCAAGAGGAGACAGGAGGGCCTTCCCTGGCCTTTCTGTCTTCGTTGATGTTCACTTCCAG 732  
 GAACGGTCTCGTGGGCTGCTAAGGGCAGTTCCCTCTGATATCTCACAGCAAGCACAGCTCTCTTTCAGGCTTCCATGG 811  
 AGTACAAATATATGAACCTCACACTTTGTCTCCTCTGTCTGCTTTCTGACGCAGTCTGTGCTCTCACATGGTAGTGT 890  
 GGTGACAGTCCCCGAGGGCTGACGTCTTACGGTGGCGTGACCATCCAGGCAAGCATCCTTCTGCCCGGTATTAATAGG 969  
 TGCTGAGGTGCAGGTGGCATGTAGAGGGCCAGGCCGAGCATCCAGGCAAGCATCCTTCTGCCCGGTATTAATAGG 1048  
 AAGCCCCATGCCGGGGCTCAGCCGATGAAGCAGCAGCCGACTGAGCTGAGCCACAGAGTCACTGCTCCAGCCTGT 1127  
 CCTCTCGTCAGCCTTCCCTCTTCCAGAAAGCTGTTGGAGAGACATTTCAGGAGAGAGCAAGCCCTTGTCTGTCT 1206  
 CTGTTCATATCCTAAAGATAGACTTCTCTGCACCCGAGGAGGTAGCACGTGCAGCTCTCACCGCAGGATGGGC 1285  
 CTAGAAATCAGGCTTGCCCTGGAGGCCCTGACAGTGATCTGACATCCACTAAGCAAAATTTAATTCAATGGGAAATCA 1364  
 CTTCCCTGCCCCAAACTGAGACATTGCATTTTGTGAGCTCTTGGTCTGATTTGGAGAAAGGACTGTTACCCATTTTTTG 1443  
 GTGTGTTTATGGAAGTGCAATGAGCGTCCCTGCCCTTTGAAATCAGACTGGGTGTGTCTTCCCCTGGACATCACTGC 1522  
 CTCTCCAGGGCATCTCAGGCCCGGGGCTCCTTCCCTCAGGCAGCTCCAGTGGTGTCTGAAGGGTGTCTTCAA 1601  
 ACGGGCACATCTGGCTGGGAAGTCACATGGACTCTTCCAGGGAGAGACAGCTGAGCGTCTCTCTGAGGTTGT 1680  
 GTTGGGTCTAAGCGGGTGTGTGCTGGGCTCCAGGAGGAGCTTGTCTGGGAAAGACAGGAGAACTGACTCAAC 1759  
 TGCACCTGACCATGTTGTCAATAATTAGAAATAAAGAAAGTGTGCGGAAATGCACATTCCCTGGATAGGAATCACAGCTCA 1838  
 CCCCAGGATCTCACAGGTAGTCTCCTGAGTAGTTGACGGCTAGCGGGGAGCTAGTTCCGCCGCTATAGTTATAGTGTGA 1917  
 TGTGTGAACGCTGACCTGTCTGTGTGCTAAGAGCTATGCAGCTTAGCTGAGGCGCCTAGATTACTAGATGTCTGTAT 1996  
 CACGGGGAATGAGGTGGGGTGTCTTATTTTAAATGAACATAATCAGAGCCTCTTGAGAAAATTGTTACTCATTTGAACCTGG 2075  
 AGCATCAAGACATCTCATGGAAGTGGATACGGAGTGATTTGGTGTCCATGCTTTTCACTCTGAGGACATTTAATCGGAG 2154

Fig. 4B

AACCTCCTGGGGAATTTGTGGGAGACACTTGGGAACAAAACAGACACCCCTGGGAATGCAGTTGCAAGCACAGATGCTG 2233  
CCACCAGTGTCTCTGACCAACCTGGTGTGACTGCTGACTGCCAGCGTGGTACCTCCCATGCTGCAGGCCCTCCATCTAAA 2312  
TGAGACAAACAAGCACAAATGTTCACTGTTTACAACCAAGACAACTGCGTGGGTCCAAACACTCCTCTTCTCCAGGTCA 2391  
TTTGTTTTGCATTTTAAATGCTTTTATTTTGTAAATGAAAAGCACACTAAGCTGCCCTGGAATCGGGTGCAGCTGA 2470  
ATAGGCACCCAAAAGTCCGTGACTAAATTTTCGTTTGTCTTTTGTATAGCAAAATATGTTAAGACACAGTATGGCTAGG 2549  
GCTCAACAAATTTTGATTTCCCATGTTTGTGTGAGACAGAGTTTGTTCCTTTGAACTTGGTTAGAAATTTGTGCTACTGT 2628  
GAACGCTGATCCTGCATATGGAAGTCCCACTTTGCTGACATTTTCTGGCCATTTCTTGTTCATTTGTGTGGATGGTGGG 2707  
TTGTGCCCACTTCCCTGGAGTGAGACAGCTCCCTGGTGTAGAAATCCCGGAGCGTCCGTTGTTTGTGAGTAACTTGAAG 2786  
CAGATCTGTGCATGCTTTTCCCTCTGCAACAAATTGGCTCGTTTCTCTTTTGTGTTGATAGGATCCTGTTTCCT 2865  
ATGTGTGCAAAATAAAATAAAATTTGGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 2944  
AAAAAAAAAAGGGGCGCGC

Fig. 4C

GTCGACCCACGCGTCCGGCCGGCGGTCCCTTCTGCGGGCTTCAGCTCGTATCCCCGGAGTCCACCCGCCGTCGCCGGGT 79  
  
GCGGACTGGCCCTGAGCTGGCCGTACAGCCCGGCTTCGGACGGTCTCGCTGGAGCC ATG GGC CGC CGG CTC 151  
  
M G R R L 5  
  
G R V A A L L L G L L V E C T E A K K H 25  
GGC AGG GTG GCG GCG CTG CTC GGG CTG CTA GTG GAG TGC ACT GAG GCC AAA AAA CAT 211

Fig. 4D

C W Y F E G L Y P T Y Y I C R S Y E D C 45  
 TGC TGG TAT TTT GAA GGA CTC TAT CCC ACA TAC TAT ATA TGC CGT TCC TAT GAA GAC TGC 271  
  
 C G S R C C V R A L S I Q R L W Y F W F 65  
 TGT GGC TCC AGG TGC TGT GTG AGG GCC CTT TCC ATA CAG AGG CTG TGG TAT TTT TGG TTC 331  
  
 L L M M G G V L F C C G A G F I R R R M 85  
 CTG CTG ATG ATG GGT GTG CTG TTC TGC TGT GGT GCC GGT TTC ATT CGC CGG CGC ATG 391  
  
 Y P P P L I E E P T F N V S Y T R Q P P 105  
 TAT CCG CCA CCA CTC ATT GAG GAG CCC ACA TTC AAT GTG TCC TAT ACC AGG CAG CCA CCA 451  
  
 N P A P G A Q Q M G P P Y Y T D P G G P 125  
 AAT CCT GCT CCA GGA GCA CAG CAA ATG GGA CCG CCA TAT TAC ACC GAC CCT GGA GGA CCC 511  
  
 G M N P V G N T M A M A F Q V Q P N S P 145  
 GGG ATG AAT CCT GTT GGC AAT ACC ATG GCT ATG GCT TTC CAG GTC CAG CCC AAT TCA CCT 571  
  
 H G G T T Y P P P S Y C N T P P P Y 165  
 CAC GGA GGC ACA ACT TAC CCA CCC CCT CCT TCC TAC TGC AAC ACG CCT CCA CCC CCC TAT 631  
  
 E Q V V K D K \* 173  
 GAA CAG GTG GTG AAG GAC AAG TAG 655  
  
 CAAGATGCTACATCAAGGCAAGAGGATGGACAGGCCCTTTTGTACCTTCCCATCCTCACCATACTTGCTGATAG 734

69 / 95

Fig. 4E

GGTGGTCCAAGGAAAACTTGGATAATTCTCAAAGCAAGCCAGCTCTCTTTCAAAGTCTTTTGTGGAGGACATTTGAATC 813  
CACACTGTCTCCTCTGTTGCTTCTGTAGTCTGTGCTCTCTGAGAGAGTGTGGCAACAGTCCCTGAGGGTT 892  
GATATTCCTAGGGTGTCAGGGTAGATCCTCGGGAGAGAGGCTAAGGGAAAGGACATAGCCTGTGTGTAGGGGG 971  
CAGATAAAGTGGTCAGGCTGAGATAAGACTCACATGATGCAGTAGTTGGCAGTGAACCTCGAAGAGACACTATCCACCA 1050  
TCCAGCCCATTTCTCTAAATAGAAGCTGTGGGCTGTGTTGTGATGCTCTTTGGTCTCCACTCACATTTTGAAAAATAG 1129  
GCTTTCCTCTGCAGGAATAGGAAAGACCCCAAGTACATATTTGCTTCCACTTAAAAATGAGGGTCAGAACCCAGCCTCAG 1208  
TTGGACATCTATAGTTAAATAAAGGCCATTAGAGAGGGGAAATCTTTAAGTTAGGGGAAATTTCTCTAAATGGAGACATT 1287  
GCGTTTATGAATCATCGTCTGGCTTTTCTTTAGTGCAATGATTGAAGTGAGGGTGTCCTTTGAGATCAGATGGGGAG 1366  
AGTGAACCTCTGCGGGGTGGGTGCTCTACTCAGAGGGCTCCAAACCCCTTTTCTTAGGTAGTTCTGGTGATGGGTT 1445  
TTATGGGCACTATAGAGCTGAGGGGCACATTAGGCCGGGTAGTTACATTTGACCCCTTGGAGAGGAAGAGGACAGCCAAAG 1524  
AAACTCAGCAAAAGCAAGACAGCATTTGCTGAGTTAGAGCTAGGGTTGTATGTGATGCCAAACAGAGATGTGCTGGCCTCA 1603  
GAAGAGGGACGTTTGTGGATAGAGCCGTGAAACCTACTTAGTTGCACAGATGACATAATCAAAGTAGAGAAAGAAAG 1682  
TGTAGTTAGAGATGCCATTTCCCAGGTGAGAAATCAGAGCTCATCCATAGATTTACAAAGTAGTGGCTGGAGTTAACAGTA 1761  
TGGAGTTCTTTTCCCTTGCGTAGTTAGTCACGTTGATGTGATTTAAACCCAGGTTGAGACCTTGTGTACTAAGAGCAA 1840  
GGAAGTATAGCTAAGATGTCTAGATTATTTATATGATGATGTTGGGAGTGGGCTGCAAGGAAGGGGCTGACATTG 1919  
TAAATGAGAAAAATCAGAGCCATTTGATAAACTGTTACTTGTGGATCAGGCATCCAAAAGTGCTCTCTTGAGTGGACATT 1998  
GAGTATTTCTTACCACCTACAAGACCAGAGGCATGGTGTCATTTCTCCATTGGGGTATTTATATGAGGTAGAGGTTTCAG 2077  
GAATCGACAGTAGCTGTGTGGCTTAGTTAAGGACTGAAAGCATAGGGACTGGTAGACAGTTTCATAGGAAACTGCGG 2156  
GGAAGGAATGGATACCTTTAAAGACAGTTTGTGGATGCAGATGCTGCCACCCCATCATTTGAGCACCCCTTGTGCTCTGGC 2235  
TTCCTGTCACTGGATCCAGTACCCCTCCATGCTTGGGTCCCTTGTTTTACATAAGACAAACAAAGCACAAATGTCTGCTGTT 2314  
TACAAATCAAGACGACTACATGTTCCAAACATTTCTTCTCTCTTCTATCAGTTGTGGCTTTAAGCTTCCATTTCCTCCGTT 2393  
CCTTTTAAAAATCAAGAAGCACAGTCAGAGCTGCCCTGGGATTGCATCAGGGAACGGCTGATCAAGGCATTCAGTGC 2472  
CATGACTAAATCTTATCTTTTGTATAGCAAAATCCTTTTAAGAAACTGAACAAATTGCTAAGGCTCAGCAATTTTATACTC 2551  
CAATGTCTGTGAAGGTAAATTTTGTGTTGCCATTGAGCCCCACATTTGGAATTCCTTCTGACGTCAACACTGACAAATGCTC 2630  
ATGGAAATTGCACTTCTGGGTATATGTCCAGCATCCTTGTCTTATGTTTGGTGAGTAAGGCTCACCCCTTCCAGC 2709

Fig. 4F

AGCTCTACTTCTGTGTGCTGAGGTCCTGTAGAGCCGGGGCTTGGCACACAGACATGAGGCAGACTTGTGCAATGCTCTTTC 2788  
 TTGGCAACACTTGGCTCATATTTCTTGTCTCTTTTGATAGAGTCCTGTTCCTATGTATTAAATAATAATAAGTG 2867  
 AATTAGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGCCCGC 2915

Fig. 4G

	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	MRRQPAKVAALLLGLLLECTEAKKHCHWYFEGLYPTYIICRSYEDCCGSRCCVRALS	IQRLWYFWFLLMMG					
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	MGRRLGRVAALLLGLLVECTEAKKHCHWYFEGLYPTYIICRSYEDCCGSRCCVRALS	IQRLWYFWFLLMMG					
	10	20	30	40	50	60	70
	80	90	100	110	120	130	140
Hum.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPAFNVSYTRQPNPGPGAQQPGPPYYTDGGPGMNPVGNSMAMAFQV						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPTFNVSYTRQPNPAPGAQQMGPPYYTDGGPGMNPVGNTMAMAFQV						
	80	90	100	110	120	130	140
	150	160	170				
Hum.	PPNSPQGSVACPPPPAYCNTPPPPYEQVVKAK						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	QPNSPHGGTTYPPPPSYCNTPPPPYEQVVKDK						
	150	160	170				

Fig. 4H

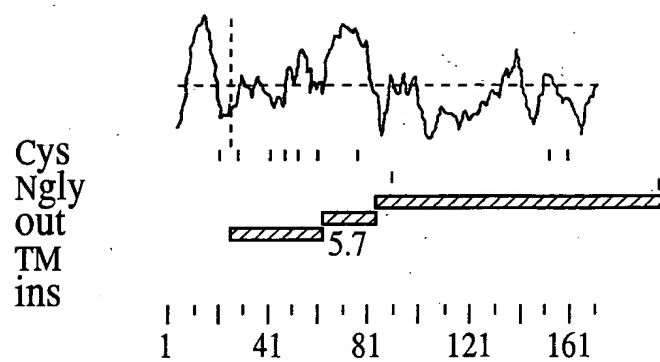


Fig. 4I

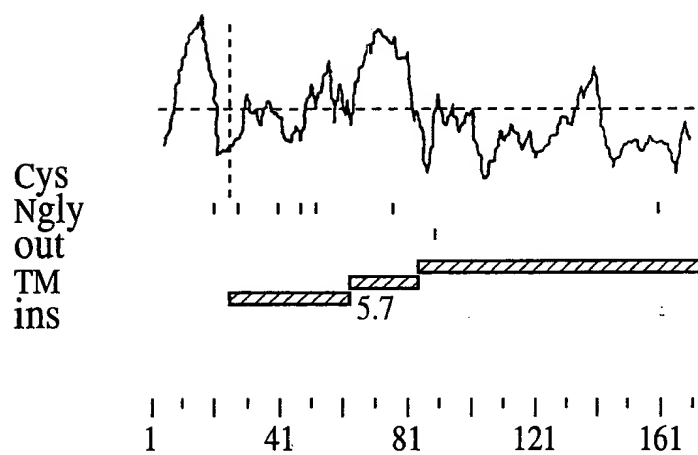


Fig. 4J



GTCGACCCACGCGTCCGACGCTTTGGACACTTCTCTGCTTGAGGACACCTTGACTAACCTCCAAGGCAACTAAAGGA 79  
 TCAAGAAAGGCCACAGCACAGCAAGATCAGCTGGATCTAGCTCCTGCAGGAG ATG TGT ACA AAG ACA ATC 150  
 P V L W G C F L L L W N L Y V S S S Q T I 6  
 CCA GTC CTC TGG GGA TGT TTC CTC CTG TGG AAT CTC TAT GTC TCA TCC TCT CAG ACC ATT 26  
 Y P G I K A R I T Q R A L D Y G V Q A G 46  
 TAC CCT GGA ATC AAG GCA AGG ATT ACT CAG AGG GCA CTT GAC TAT GGT GGT CAA GCT GGA 270  
 M K M I E Q M L L K E K K L P D L S G S E 66  
 ATG AAG ATG ATT GAG CAA ATG CTA AAA GAA AAG AAA CTC CCA GAT TTA AGC GGT TCT GAG 330  
 S L E F L K V D Y V N Y N F S N I K I S 86  
 TCT CTT GAA TTT CTA AAA GTT GAT TAT GTA AAC TAC AAT TTT TCA AAT ATA AAA ATC AGT 390  
 A F S F P N T S L A F V P G V G I K A L 106  
 GCC TTT TCA TTT CCA AAT ACC TCA TTG GCT TTT GTG CCT GGA GTG GGA ATC AAA GCG CTA 450  
 T N H G T A N I S T D W G F E S P L F V 126  
 ACC AAC CAT GGC ACT GCC AAC ATC AGC ACA GAC TGG GGG TTC GAG TCT CCA CTT TTT GTT 510  
 L Y N S F A E P M E K P I L K N L N E M 146  
 CTG TAT AAC TCC TTT GCT GAG CCC ATG GAG AAA CCC ATT TTA AAG AAC TTA AAT GAA ATG 570

73 / 95

Fig. 5A

L	C	P	I	I	A	S	E	V	K	A	L	N	A	N	L	S	T	L	E	166
CTC	TGT	CCC	ATT	ATT	GCA	AGT	GAA	GTC	AAA	GCG	CTA	AAT	GCC	AAC	CTC	AGC	ACA	CTG	GAG	630
V	L	T	K	I	D	N	Y	T	L	L	D	Y	S	L	I	S	S	P	E	186
GTT	TTA	ACC	AAG	ATT	GAC	AAC	TAC	ACT	CTG	CTG	GAT	TAC	TCC	CTA	ATC	AGT	TCT	CCA	GAA	690
I	T	E	N	Y	L	D	L	N	L	K	G	V	F	Y	P	L	E	N	L	206
ATT	ACT	GAG	AAC	TAC	CTT	GAC	CTG	AAC	TTG	AAG	GGT	GTA	TTC	TAC	CCA	CTG	GAA	AAC	CTC	750
T	D	P	P	F	S	P	V	P	F	V	L	P	E	R	S	N	S	M	L	226
ACC	GAC	CCC	CCC	TTC	TCA	CCA	GTT	CCT	TTT	GTG	CTC	CCA	GAA	CGC	AGC	AAC	TCC	ATG	CTC	810
Y	I	G	I	A	E	Y	F	F	K	S	A	S	F	A	H	F	T	A	G	246
TAC	ATT	GGA	ATC	GCC	GAG	TAT	TTC	TTT	AAA	TCT	GCG	TCC	TTT	GCT	CAT	TTC	ACA	GCT	GGG	870
V	F	N	L	T	L	S	T	E	E	I	S	N	H	F	V	Q	N	S	Q	266
GTT	TTC	AAT	CTC	ACT	CTC	TCC	ACC	GAA	GAG	ATT	TCC	AAC	CAT	TTT	GTT	CAA	AAC	TCT	CAA	930
G	L	G	N	V	L	S	R	I	A	E	I	Y	I	L	S	Q	P	F	M	286
GGC	CTT	GGC	AAC	GTG	CTC	TCC	CGG	ATT	GCA	GAG	ATC	TAC	ATC	TTG	TCC	CAG	CCC	TTC	ATG	990
V	R	I	M	A	T	E	P	P	I	I	N	L	Q	P	G	N	F	T	L	306
GTG	AGG	ATC	ATG	GCC	ACA	GAG	CCT	CCC	ATA	ATC	AAT	CTA	CAA	CCA	GGC	AAT	TTC	ACC	CTG	1050
D	I	P	A	S	I	M	M	L	T	Q	P	K	N	S	T	V	E	T	I	326
GAC	ATC	CCT	GCC	TCC	ATC	ATG	ATG	CTC	ACC	CAA	CCC	AAG	AAC	TCC	ACA	GTT	GAA	ACC	ATC	1110

74 / 95

Fig. 5B

V S M D F V A S T S V G L V I L G Q R L 346  
 GTT TCC ATG GAC TTC GTT GCT AGT ACC AGT GTT GGC CTG GTT ATT TTG GGA CAA AGA CTG 1170  
  
 V C S L S L N R F R L A L P E S N R S N 366  
 GTC TGC TCC TTG TCT CTG AAC AGA TTC CGC CTT GCT TTG CCA GAG TCC AAT CGC AGC AAC 1230  
  
 I E V L R F E N I L S S I L H F G V L P 386  
 ATT GAG GTC TTG AGG TTT GAA AAT ATT CTA TCG TCC ATT CTT CAC TTT GGA GTC CTC CCA 1290  
  
 L A N A K L Q Q G F P L P N P H K F L F 406  
 CTG GCC AAT GCA AAA TTG CAG CAA GGA TTT CCT CTG CCC AAT CCA CAC AAA TTC TTA TTC 1350  
  
 V N S D I E V L E G F L L I S T D L K Y 426  
 GTC AAT TCA GAT ATT GAA GTT CTT GAG GGT TTC CTT TTG ATT TCC ACC GAC CTG AAG TAT 1410  
  
 E T S S K Q Q P S F H V W E G L N L I S 446  
 GAA ACA TCC TCA AAG CAG CAG CCA AGT TTC CAC GTA TGG GAA GGT CTG AAC CTG ATA AGC 1470  
  
 R Q W R G K S A P \* 456  
 AGA CAG TGG AGG GGG AAG TCA GCC CCT TGA 1500  
  
 TTGCCGGTTTGC AATTCACCCAGGAAGTAAATGGTCCTTAATCCTACAAC TACTGTAAACCCAGAAAGGAAAGACAGT 1579  
 ACACACTGGAATTGTAAAGCCCTTGTGAATTGCTTAGGCAGAAAGTTTCTTTAAGCCTTCAGGAACCCAGAAATAA 1658  
 GGCAGACTCTGTAAAGGGATAAATAGAGGTGTCTGAATGTGAGTGATGCATGCTGCGTGTCTGTGTTATGTTG 1737  
 TTTGTTTGTGTTGGGCAAGAAAGATTCTAGGACAAGAGCTAGGCATGTACTTCTGACCAGGTGGGTAAAGCAACTCTAAG 1816

75/95

Fig. 5C

TCTGTAATTGTCATTCTCAGTGGAAATCCCTTAGGCCCTCTAGTGGTTTTCCTACCTGCATATTGGTTTC 1895  
ATGTTTTATATTCACCTGTTACTATCTTCTGTGTTTAAATTAAATTTCTATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGC 1974  
GGCCGC 1980

**Fig. 5D**

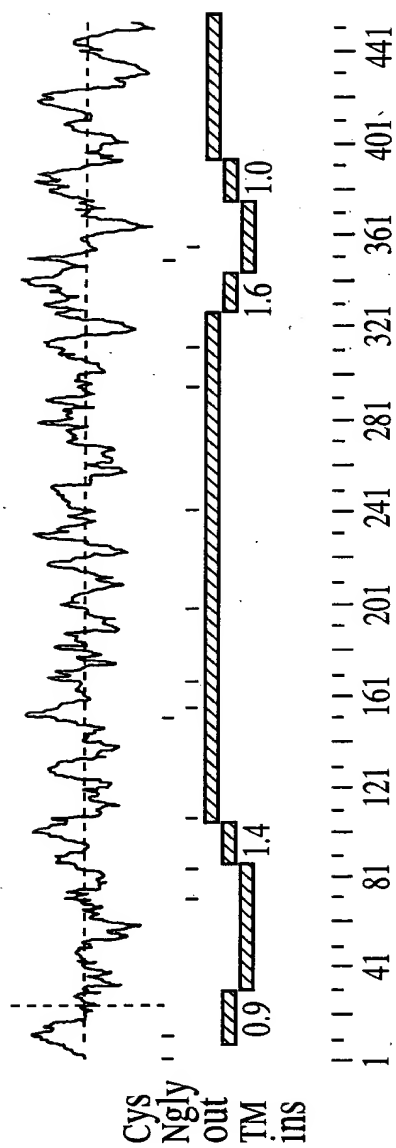


Fig. 5E

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKT-IPVLWGCFL-LWNLYVSSSQTIYPGIKARITQRALDYGVAQGMKMEIOMLKEKKLPDLGSESL
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI MARGPCNAPRWVSLMVLVAIGTAVTAAVNPGVVVRISQKGLDYASQQGTAALQKELKRIKIPDYS--DSF
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNYNFSNIKISAFSEFPNTSLAFVPGVGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLNYSFAEPM---
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI KIKHLGKGHYSFYSMDIRFQLPSSQISMVPNVGLKFSISNANIKISGKWKAKQKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130

286 -----KPI-----140      150
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKSVGWLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200

286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDLNLKGVFYPLENLTDPFPSPVFPVLPERSN
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI VSSKLQPYFQTLPVMTKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPPFAPPVMEFFPAAHD
210     220     230     240     250     260     270

```

Fig. 5F

```

286 SMLYIGIAEYFFKSAFAHFTAGVFNLTSTEEISNH--FVQNSQGLGNVL1SRIAETIYILSQPFMVVRIMA
      :.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
BPI RMVYLGLSDYFFNTAGLVYQEAGVLKMTLRDDMIPKESKFRLTTKFFGTFLPEVAKKFP-NMKIQIHVSA
280 290 300 310 320 330 340

286 TEPPINLQPGNFTLDIPASIMMLTQPKNSTVETIVSMDFVASTVGVLVILGQRLVCSLSLNRFRLLALPE
      .:::.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
BPI STPPHLVSQPTGLTFYPADVQAFAVLPNSSLASLFLIGHMTTGSMESVSAESNRLVGELKLDRLLELKH
350 360 370 380 390 400 410

286 SNRSNIEVLRFENILSSILHFGLVPLANAKLQQGFPLPNPHKFLFVNSDIEVLEGFLLISTDLKYETSSK
      ::.:.....:.:..:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
BPI SNIGPFPVELLQDIMNIYIPILVLP RVNEKLQKGFP LPTPARVQLYNVVLQPHQNFLFGADVVK-----
420 430 440 450 460 470 480

286 QQPSFHVWEGNLISRQWRGKSAP
      440 450

BPI -----

```

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKTIPVLWGCFLWNLYVSSSQTI--YPGIKARITQRALDYGVAQGMKMIQOMLKEKKLPDLGSESL
      : . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP MGALARAL--PSILLALLTSTPEALGANPGLVARITDKGLQYAAQEGLLALQSELLRITLPDFTG--DL
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNYNFSNIKISAFSFPNTSLAFVPGVGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPM---
      . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :
RENP RIPHVGRGRYEFHSLNIHEFQLPSSQISMVFPNVGLKFSISNANIKISGKWKAQKRFLKMSGNFDLSIEGM
      70      80      90      100     110     120     130

      140      150      160      170     180     190     200
286 -----KPI-----LKN-LNEMLCPIIASE
      : : :
RENP SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKSKVGWLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
      140      150      160      170     180     190     200

      160      170      180      190     200     210     220
286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDNLKGVFYPLENLTDPFPFVFLPERSN
      : . : . . : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENP VSSKLQPYFQTLPVMTKIDSVAGINYGLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPPFAPPVMEFFAAHD
      210      220      230      240     250     260     270

```

Fig. 5H



Fi. 5

GTCGACCCACGCGTCCGGGAATTGCAGCAGGAAATAATGTGAAGAGTTTTTAAACCCACAAAATTCTTCTTACTTTAGA	79
<div style="text-align: center;"> M   L   E   T   L   S   R   Q </div>	
ATTAGTTGTACATTGCAGGAAAAATAAATGCAGATGTTGGACC ATG TTG GAA ACC TTG TCA AGA CAG	149
W I V S H R M E M W L L I L V A Y M F Q	28
TGG ATT GTC TCA CAC AGA ATG GAA ATG TGG CTT CTG ATT CTG GTG GCG TAT ATG TTC CAG	209
R N V N S V H M P T K A V D P E A F M N	48
AGA AAT GTG AAT TCA GTA CAT ATG CCA ACT AAA GCT GTG GAC CCA GAA GCA TTC ATG AAT	269
I S E I I Q H Q G Y P C E E Y E V A T E	68
ATT AGT GAA ATC ATC CAA CAT CAA GGC TAT CCC TGT GAG GAA TAT GAA GTC GCA ACT GAA	329
D G Y I L S V N R I P R G L V Q P K K T	88
GAT GGG TAT ATC CTT TCT GTT AAC AGG ATT CCT CGA GGC CTA GTG CAA CCT AAG AAG ACA	389
G S R P V V L L Q H G L V G G A S N W I	108
GGT TCC AGG CCT GTG GTG TTA CTG CAG CAT GGC CTA GTT GGA GGT GCT AGC AAC TGG ATT	449
S N L P N N S L G F I L A D A G F D V W	128
TCC AAC CTG CCC AAC AAT AGC CTG GGC TTC ATT CTG GCA GAT GCT GGT TTT GAC GTG TGG	509
M G N S R G N A W S R K H K T L S I D Q	148
ATG GGG AAC AGC AGG GGA AAC GCC TGG TCT CGA AAA CAC AAG ACA CTC TCC ATA GAC CAA	569

Fig. 6A

D E F W A F S Y D E M A R F D L P A V I 168  
GAT GAG TTC TGG GCT TTC AGT TAT GAT GAG ATG GCT AGG TTT GAC CTT CCT GCA GTG ATA 629  
N F I L Q K T G Q E K I Y Y V G Y S Q G 188  
AAC TTT ATT TTG CAG AAA ACG GGC CAG GAA AAG ATC TAT TAT GTC GGC TAT TCA CAG GGC 689  
T T M G F I A F S T M P E L A Q K I K M 208  
ACC ACC ATG GGC TTT ATT GCA TTT TCC ACC ATG CCA GAG CTG GCT CAG AAA ATC AAA ATG 749  
Y F A L A P I A T V K H A K S P G T K F 228  
TAT TTT GCT TTA GCA CCC ATA GCC ACT GTT AAG CAT GCA AAA AGC CCC GGG ACC AAA TTT 809  
L L L P D M M I K G L F G K K E F L Y Q 248  
TTG TTG CTG CCA GAT ATG ATG ATC AAG GGA TTG TTT GGC AAA AAA GAA TTT CTG TAT CAG 869  
T R F L R Q L V I Y L C G Q V I L D Q I 268  
ACC AGA TTT CTC AGA CAA CTT GTT ATT TAC CTT TGT GGC CAG GTG ATT CTT GAT CAG ATT 929  
C S N I M L L L G G F N T N N M N M S R 288  
TGT AGT AAT ATC ATG TTA CTT CTG GGT GGA TTC AAC ACC AAC AAT ATG AAC ATG AGC CGA 989  
A S V Y A A H T L A G T S V Q N I L H W 308  
GCA AGT GTA TAT GCT GCC CAC ACT CTT GCT GGA ACA TCT GTG CAA AAT ATT CTA CAC TGG 1049  
S Q A V N S G E L R A F D W G S E T K N 328  
AGC CAG GCA GTG AAT TCT GGT GAA CTC CGG GCA TTT GAC TGG GGC AGT GAG ACC AAA AAT 1109

Fig. 6B

L E K C N Q P T P V R Y R V R D M T V P 348  
 CTG GAA AAA TGC AAT CAG CCA ACT CCT GTA AGG TAC AGA GTC AGA GAT ATG ACG GTC CCT 1169  
 T A M W T G G Q D W L S N P E D V K M L 368  
 ACA GCA ATG TGG ACA GGA GGT CAG GAC TGG CTT TCA AAT CCA GAA GAC GTG AAA ATG CTG 1229  
 L S E V T N L I Y H K N I P E W A H V D 388  
 CTC TCT GAG GTG ACC AAC CTC ATC TAC CAT AAG AAT ATT CCT GAA TGG GCT CAC GTG GAT 1289  
 F I W G L D A P H R M Y N E I I H L M Q 408  
 TTC ATC TGG GGT TTG GAT GCT CCT CAC CGT ATG TAC AAT GAA ATC ATC CAT CTG ATG CAG 1349  
 Q E E T N L S Q G R C E A V L \* 424  
 CAG GAG GAG ACC AAC CTT TCC CAG GGA CGG TGT GAG GCC GTA TTG TGA 1397  
 AGCATCTGACACTGACGATCTTAGGACAACTCCTGAGGGATGGGGCTAGGACCCCATGAAGGCAGAAATTACGGAGAGCA 1476  
 GAGACCTAGTATACATTTTTCAGATTCCCTGCACCTTGGCACTAAATCCGACACTTACATTTTCTGTAAA 1555  
 TTAAGTACTTATTAGGTAAATAGAGGTTTGTATGCTATTATATATCTACCATCTTGAAGGTAGGTTTACCTGAT 1634  
 AGCCAGAAAATATCTAGACATTCTCTATATCATTCAGGTAAATCTCTTTAAACACCATTTGTTTTCTATAAGCCAT 1713  
 ATTTTGGAGCACTAAAGTAAATGGCAAAATGGGACAGATATTGAGGTCTGGAGTCTGTGGATTATTGTTGACTTTGA 1792  
 CAAAATAAGCTAGACATTTTCACCTTGTGTCACAGACATAACACTACCTCAGGAAGCTGAGCTGTTTAAGGACAA 1871  
 CAACAACAAATCAGTGTACAGTATGGATGAAATCTATGTTAAGCATTTCTCAGAAATAAGGCCAAGTTTATAGTTGCA 1950  
 TCTCAGGGAAGAAAATTTTATAGGATGTTTATGAGTTCTCCAATAAATGCATTCTGCATTACATAAAAAA 2029  
 AAAAAAGGCGGCCGC 2044

Fig. 6C

```

10      20      30      40      50      60      70
294 MLETLRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQRVNNSVHMPTKAVDPEAFMNISEIIHQHGYPCEEYEVEDG
:      :      :      :      :      :      :
:      :      :      :      :      :      :
HLP M-----WLL-----LTMASLISVLGTTGHLFGKLH-----PGSPEVTMNISQMITYWGYPNEEYEVVTEDEG
10      20      30      40      50

80      90      100     110     120     130     140
294 YILSVNRIPRGLVQPKKTGSRPVVLLQHGLVGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWVGNSRGNWSRK
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
HLP YILEVNRIPYGKKNSGNTGQRPVFLQHGLLASATNWISNLPNNSLAFILADAGYDVWLGNRGNTWARR
60      70      80      90      100     110     120

150     160     170     180     190     200     210
294 HKTLSIDQDEFWAFSYDEMARFDLPVAVINFILQKTGQEKIYYVGYSGTGMGFIAFSTMPELAQKIKMYF
.      :      :      :      :      :      :
.      :      :      :      :      :      :
HLP NLYYSPDSVEFWAFSFDDEMAKYDLPATIDFIVKKTGQKQLHYVGHSGQTTIGTGFIAFSTNPSLAKRIKTFY
130     140     150     160     170     180     190

220     230     240     250     260     270
294 ALAPIATVKHAKSPGTFKFLLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQ-LVIYLCGQVILDQICSNIMLLLGGE
:      :      :      :      :      :      :
:      :      :      :      :      :      :
HLP ALAPVATVKYTKSLINKLRFVPQSLFKFIFGDKIF-YPHNFFDQFLATEVCSREMLNLLCSNALFIICGF
200     210     220     230     240     250     260

```

Fig. 6D

420  
294 EAVL  
HLP ----

Fig. 6E

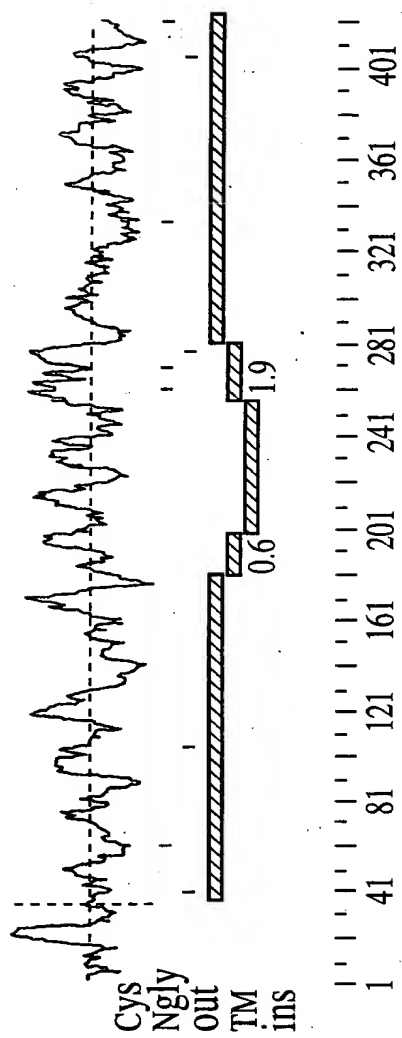


Fig. 6F

100

ಗಿರಿ



280 290 300 310 320 330 340  
294 FNTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRVVRDMTVP  
:: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
LAL FNERNLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMLHWSQAVKFKQFAFDWGSSAKNYFHYNQSYPPPTYNVKDMLVP  
270 280 290 300 310 320 330  
350 360 370 380 390 400 410  
294 TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR  
:::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
LAL TAVWGGHDWLADVVDVNILLTQITNLVFHESIPWEHLDFIWGLDAPWRLYNKIINLMRKYQ-----  
340 350 360 370 380 390

420

294 CEAVL

LAL -----

Fig. 6H

GTCGACCCACGCGTCCACGGCGGAGGGCTCCCGGGCGGAGCATTCGCCCCCTGCACCACTCACCAG ATG GCT 75  
 T L G H T F P F Y A G P K P T F P M D T 22  
 ACT TTG GGA CAC ACA TTC CCC TTC TAT GCT GGC CCC AAG CCA ACC TTC CCG ATG GAC ACC 135  
 T L A S I I M I F L T A L A T F I V I L 42  
 ACT TTG GCC AGC ATC ATC ATG ATC TTT CTG ACT GCA CTG GCC ACG TTC ATC GTC ATC CTG 195  
 P G I R G K T R L L F W L L R V V T S L F 62  
 CCT GGC ATT CGG GGA AAG ACG AGG CTG TTC TGG CTG CTT CGG GTG GTG ACC AGC TTA TTC 255  
 I G A A I L A V N F S S S E W S V G Q V S 82  
 ATC GGG GCT GCA ATC CTG GCT GTG AAT TTC AGT TCT GAG TGG TCT GTG GGC CAG GTC AGC 315  
 T N T S Y K A F S S E W I S A D I G L Q 102  
 ACC AAC ACA TCA TAC AAG GCC TTC AGT TCT GAG TGG ATC AGC GCT GAT ATT GGG CTG CAG 375  
 V G L G G V N I T L T G T P V Q Q L N E 122  
 GTC GGG CTG GGT GGA GTC AAC ATC ACA CTC ACA GGG ACC CCC GTG CAG CAG CTG AAT GAG 435  
 T I N Y N E E F T W R L G E N Y A E E C 142  
 ACC ATC AAT TAC AAC GAG GAG TTC ACC TGG CGC CTG GGT GAG AAC TAT GCT GAG GAG TGT 495  
 A K A L E K G L P D P V L Y L A E K F T 162  
 GCA AAG GCT CTG GAG AAG GGG CTG CCA GAC CCT GTG TTG TAC CTA GCT GAG AAG TTC ACT 555

90 / 95

Fig. 7A

P	R	S	P	C	G	L	Y	R	Q	Y	R	L	A	G	H	Y	T	S	A	182
CCA	AGA	AGC	CCA	TGT	GGC	CTA	TAC	CGC	CAG	TAC	CGC	CTG	GCG	GGA	CAC	TAC	ACC	TCA	GCC	615
M	L	W	V	A	F	L	C	W	L	L	A	N	V	M	L	S	M	P	V	202
ATG	CTA	TGG	GTG	GCA	TTC	CTC	TGC	TGG	CTG	CTG	GCC	AAT	GTG	ATG	CTC	TCC	ATG	CCT	GTG	675
L	V	Y	G	G	Y	M	L	L	A	T	G	I	F	Q	L	L	A	L	L	222
CTG	GTA	TAT	GGT	GGC	TAC	ATG	CTA	TTG	GCC	ACG	GGC	ATC	TTC	CAG	CTG	TTG	GCT	CTG	CTC	735
F	F	S	M	A	T	S	L	T	S	P	C	P	L	H	L	G	A	S	V	242
TTC	TTC	TCC	ATG	GCC	ACA	TCA	CTC	ACC	TCA	CCC	TGT	CCC	CTG	CAC	CTG	GGC	GCT	TCT	GTG	795
L	H	T	H	H	G	P	A	F	W	I	T	L	T	T	G	L	L	C	V	262
CTG	CAT	ACT	CAC	CAT	GGG	CCT	GCC	TTC	TGG	ATC	ACA	TTG	ACC	ACA	GGA	CTG	CTG	TGT	GTG	855
L	L	G	L	A	M	A	V	A	H	R	M	Q	P	H	R	L	K	A	F	282
CTG	CTG	GGC	CTG	GCT	ATG	GCG	GTG	GCC	CAC	AGG	ATG	CAG	CCT	CAC	AGG	CTG	AAG	GCT	TTC	915
F	N	Q	S	V	D	E	D	P	M	L	E	W	S	P	E	E	G	G	L	302
TTC	AAC	CAG	AGT	GTG	GAT	GAA	GAC	CCC	ATG	CTG	GAG	TGG	AGT	CCT	GAG	GAA	GGT	GGA	CTC	975
L	S	P	R	Y	R	S	M	A	D	S	P	K	S	Q	D	I	P	L	S	322
CTG	AGC	CCC	CGC	TAC	CGG	TCC	ATG	GCT	GAC	AGT	CCC	AAG	TCC	CAG	GAC	ATT	CCC	CTG	TCA	1035
E	A	S	S	T	K	A	Y	C	K	E	A	H	P	K	D	P	D	C	A	342
GAG	GCT	TCC	TCC	ACC	AAG	GCA	TAC	TGT	AAG	GAG	GCA	CAC	CCC	AAA	GAT	CCT	GAT	TGT	GCT	1095

Fig. 7B

L \* 344  
 TTA TAA 1101  
 92 / 95  
 CATTCCTCCCCGTGGAGGCCACCTGGACTTCCAGTCTGGCTCCAAACCTCAATTGGCGCCCCATAAAACCAGCAAACTG 1180  
 CCTCAGGGTGGCTGTTACCAAGACACCCAGCACCAATCTACAGACGGAGTAGAAAAAGGAGGCTCTATATACTGATGTT 1259  
 AAAAAACAAAAACAAAAAGCCCTAAGGGACTGAAGAGATGCTGGGCTGTCCATAAAGCCCTGTTGCCATGATAAG 1338  
 GCCAAGCAGGGCTAGCTTATCTGCACAGCAACCCAGCCTTCCGTGCTGCCCTTCCCTCTTCAAGATGCTATCACTGA 1417  
 AACCTAACTTCACCCCATAAACACAGCAGGGTGGGGTTACATAATGATTCTCCATATGGTTTCCCTCTCATCCCTCGGCA 1496  
 CCTCTTGTTTTTCTTCCCTGGGTTCCCTTTTGTTCTTCCCTTACTTCTCCAGCTTGTGTGGCCTTTTGGTACAATGAA 1575  
 AGACAGCACTGGAAGGAGGGAACCAAACTTCTCATCCTAGGTCTAACATTAACCAACTATGCCACATTCCTTTGA 1654  
 GCTTCAGTTCCTCCAAATTTGCTACATAAGATTGCAAGACTTGCCAAAGATCTTGGGATTTATCTTTCTATGCCCTTGCTGA 1733  
 CACCTACCTTGGCCCTCAAAACACCCCTCAACAAGAGCCAGGTGGGAAGTTAGGGAATCAACTCCAAAAACGCTATTCCT 1812  
 TCCACCCCACTCAGCTGGCTAGCTGAGTGGCATCCAGGACGGGGAGTGGTGACCTGCCCTCATCACTGCCACCTAA 1891  
 CGTCCCTTGGGTGTTCAGAAAGATGCTAGCTCTGTAGGTCCCTCCGGCTCACTAGAGGGCGCCCTATTACTC 1970  
 TGGAGTCGACGCAGAGAAATCAGGTTTTCACAGCACTGCCGGAGAGTGTAAGGTGTCTCCAGCCAGCGAAGCTCATGA 2049  
 GGACGTGCGACCCCGCGGAGAGCCATGAAAAATTAATGGGAAAAAACAGTTTTTAAAAAAGGGGCG 2128  
 GCCGC 2133

Fig. 7C

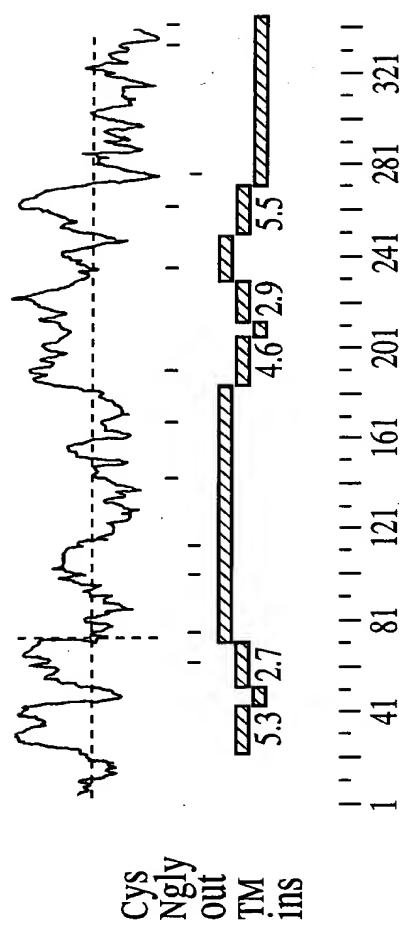


Fig. 7D

```

10      20      30      40      50      60      70
296 MATLGHTFPFYAGPKPTFPMDTTLASIIMIFLTALATFIVILPGIRGKTRLFWLLRVVTSLFIGAAILAV
:  ::  :...  :  :  :...  :  :  :...  :  :  :...  :  :  :...  :
CRP M-RIAH-----ASSRGN-----SIFSFLIPLIAYILILPGVR-RKRVVTVTVYVLMMLAVGGALIAS
10      20      30      40      50

296 NFSSEWSVGQVSTNTSYKAFSSEWISADIGLQVGLGVNITL-----TGPVQQQLNETIN--YNEEFTW
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
CRP LIYPCWASGSQMIYTQFRGHSNERILAKIGVEIGLQKVNVTCLKFERLLSSNDVLPGSDMTELYYNEGEDI
60      70      80      90      100      110      120

140      150      160      170      180      190      200
296 RIGENYAECAKALEKGLDPVLYLAEKFT-PRSPCGLYRQYRLAGHYTSAMLWVAFLCWLLIANV-MLSM
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
CRP SGISSMAEALHHGLENGLPYPMLSVLEYFSLNQDSFDWGRHYRVAGHYTHAAIWFAFACWCCLSVVLMFL
130      140      150      160      170      180      190

210      220      230      240      250      260
296 PVLVYGGYMLLATGIFQLLALLFFSMATSLTSPCPLHL---GASVLHTHHGPAP---WITLTTGLLCVL
:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
CRP PHNAYKS--ILATGISCLIACLVYL----LLSPCELRIAFGTGENFERVDLTATFSFCFYLIFAIGILCVL
200      210      220      230      240      250      260

```

Fig. 7E

```

270      280      290      300      310      320
296 IGLAMAVAHRMOPHRLKAFNQSVDEDEPMLEW-----SPEEGGLSPRY--RSMADSPKSQDIPLSEAS
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CRP CGLGLGICEHWRIYTLSTFLDASLDEHVGPWKKLPTGGPALQGVQIGAYGTNTTNSRRDKNDISSDKTA
      270      280      290      300      310      320      330

      330
296 STKAY-----CK-----EAHPKDPD-----CA---L
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CRP GSSGFQSRSTSTCQSSASSASLRSQSSIETVHDEAELEERTHVHFLQEPCSSSST
      340      350      360      370      380

```

Fig. 7F